(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum Internationales Büro





(43) Internationales Veröffentlichungsdatum 15. Juli 2004 (15.07.2004)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer WO 2004/059001 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: C12Q 1/68

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP2003/014068

(22) Internationales Anmeldedatum:

11. Dezember 2003 (11.12.2003)

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(30) Angaben zur Priorität:

102 60 928.4 20. Dezember 2002 (20.12.2002) DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von US); HENKEL KOMMANDITGESELLSCHAFT AUF AKTIEN [DE/DE]; Henkelstrasse 67, 40589 Düsseldorf (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): PETERSOHN, Dirk [DE/DE]; Uferstrasse 48, 50996 Köln (DE). SCHLOTMANN, Kordula [DE/DE]; Am Hirschgraben 7, 40627 Düsseldorf (DE). GASSENMEIER, Thomas [DE/DE]; Mannheimer Weg 16, 40229 Düsseldorf (DE). HOLTKÖTTER, Olaf [DE/DE]; Helene-Weber-Weg 17, 50354 Hürth (DE). CONRADT, Marcus [DE/ZA]; 170, Marais Street, 0181 Pretoria (ZA). HOFMANN, Kay [DE/DE]; Ehrenfeldgürtel 139, 50823 Köln (DE).

(81) Bestimmungsstaaten (national): AU, BR, BY, CA, CN, DZ, EG, ID, IL, IN, JP, KR, MX, NO, NZ, PL, RU, SG, UA, US, UZ, VN, YU, ZA.

(84) Bestimmungsstaaten (regional): europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK, TR).

Veröffentlicht:

 ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

(54) Title: METHOD FOR DETERMINING MARKERS OF HUMAN FACIAL SKIN

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR BESTIMMUNG VON MARKERN HUMANER GESICHTSHAUT

(57) Abstract: The invention relates to a method for determining the homeostasis of human facial skin in vitro, to test kits and biochips for determining markers of human facial skin, in addition to the use of proteins, mRNA molecules or fragments of proteins or mRNA molecules as markers of human facial skin. The invention also relates to a test method for detecting the effectiveness of cosmetic or pharmaceutical active substances for treating human facial skin in addition to a screening method for identifying cosmetic or pharmaceutical active substances for treating human facial skin and to a method for producing a cosmetic or pharmaceutical preparation for treating human facial skin.

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut in vitro, Test-Kits und Biochips zur Bestimmung von Markern humaner Gesichtshaut sowie die Verwendung von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen als Marker humaner Gesichtshaut; ferner ein Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen zur Behandlung humaner Gesichtshaut sowie ein Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen zur Behandlung humaner Gesichtshaut und ein Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung zur Behandlung humaner Gesichtshaut.



Verfahren zur Bestimmung von Markern humaner Gesichtshaut

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Bestimmung von Markern humaner Gesichtshaut in vitro, Test-Kits und Biochips zur Bestimmung von Markern humaner Gesichtshaut sowie die Verwendung von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen als Marker humaner Gesichtshaut; ferner ein Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen zur Behandlung humaner Gesichtshaut sowie ein Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen zur Behandlung humaner Gesichtshaut und ein Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung zur Behandlung humaner Gesichtshaut.

Jede lebende Zelle ist in der Lage auf Signale ihrer Umwelt zu reagieren. Die Reaktionen der Zellen werden durch eine geordnete Regulation der Genexpression realisiert, sodaß der Metabolismus von Zellen nicht statisch sondern sehr dynamisch ist. Das menschliche Genom umfasst nach jüngsten Schätzungen zwischen 30 000 und 140.000 Gene. Von diesem immensen Informationsangebot verwendet jede Zelle jedoch lediglich einen kleinen, für sie Teil für die **Synthese** Proteinen, der sich spezifischen von im Genexpressionsmuster wiederspiegelt. Exogene Signale werden von Zellen empfangen und führen, zum Teil über komplexe Signaltransduktionskaskaden, zu Veränderungen im Genexpressionsmuster. Auf diese Weise reagiert jede Zelle auf Signale aus ihrer Umgebung mit der Anpassung ihres Metabolismus.

Neben dieser verhältnismäßig kurzfristigen Veränderung der Genexpression, unterliegt jede lebende Zelle dem Alterungsphänomen, ein Prozess, der mit der langsamer Veränderung der Genexpression einhergeht.

Die menschliche Haut ist das größte Organ des menschlichen Körpers. Sie ist ein sehr komplex aufgebautes Organ, welches aus einer Vielzahl verschiedener

Zelltypen besteht und die Grenzfläche des Körpers zur Umwelt bildet. Die meisten Zellen der Haut finden sich in der Epidermis und der Dermis.

Hautanhangsgebilde wie z.B. Haarfollikel, Talgdrüsen, Schweissdrüsen etc. werden durch einen geringeren Anteil spezialisierter Zellen gebildet. So sind z.B. nur weniger als 5% der Hautzellen an der Haarfollikelstruktur beteiligt. Diese Tatsache verdeutlicht, dass die Zellen bestimmter Hautanhangsgebilde nur schwer biologischen Analysen, wie z.B. Genexpressionsanalysen unterzogen werden können. Für das Verständnis von Reaktionen der Haut und insbesondere ihrer Anhangsgebilde auf exogene Stimuli ist jedoch die Analyse der Genexpression von entscheidender Bedeutung.

Eine Isolation der Hautanhangsgebilde ist technisch schwer zu realisieren und sehr zeitintesiv. Desweiteren ist es für eine realistische Darstellung biochemischer Abläufe in der Haut oder ihrer Anhangsgebilde unerlässlich, die Zellen in ihrer natürlichen, zellulären Umgebung zu untersuchen. Jede Manipulation am Gewebe (z.B. zur Isolation oder Anreicherung bestimmter Strukturen) wird von den Zellen bemerkt und führt zu einer angepassten Genexpression. Dieser Zustand ist nicht mehr nativ und somit auch nicht mehr als repräsentativ zu betrachten.

Die menschliche Gesichtshaut ist kontinuierlich der Umwelt und vielfältigen Stressoren ausgesetzt. Es ist daher zu erwarten, dass insbesondere die ungeschützte Gesichtshaut auf die diversen Stressoren der Umwelt reagiert. Welche molekularen Mechanismen diesen Reaktionen zugrunde liegen ist bislang weitgehend unklar. Effektive kosmetische oder pharmazeutische Produkte für die Gesichtshaut sollten ihre positive Wirkung auf ein möglichst breites Spektrum molekularer Abläufe im Gewebe zeigen. Bisher sind jedoch nur wenige molekulare Reaktionsmechanismen in Gesichtshaut beschrieben worden, die somit als Target z.B. für kosmetische Gesichts-Produkte dienen können.

Jeder Zelltyp der Haut und ihrer Anhangsgebilde exprimiert ca. 15.000 verschiedene Gene und synthetisiert daraus entsprechend viele Proteine. Welche

Gene davon in Gesichtshaut eine Rolle spielen ist bisher jedoch weitgehend unklar.

3

Die Haut besteht aus mehreren verschiedenen Zelltypen (z. B. aus Fibroblasten, Keratinozyten in verschiedenen Differenzierungszuständen, Melanozyten, Merkelzellen, Langerhanszellen, einer Vielzahl unterscheidlicher Zellen des Haarfollikels oder anderer Hautanhangsgebilde), sodass die Komplexität in der Haut exprimierter Gene sehr groß ist. Es ist bisher nicht möglich gewesen, aus dieser Komplexität die Gene zu identifizieren, die mit der Gesichtshaut in Zusammenhang stehen und als molekulare Marker dieses Gewebes dienen können. Erschwerend kommt hinzu, dass in der Zelle mRNA-Moleküle in Konzentrationen zwischen einigen wenigen und mehreren hundert Kopien vorkommen. Die schwach exprimierten Gene sind bisherigen Analysetechniken nicht oder nur sehr schwer zugänglich gewesen, können aber durchaus eine entscheidende Rolle in der Gesichtshaut spielen.

Bis heute ist das Transkriptom, also die Gesamtheit aller transkribierten Gene humaner Gesichtshaut, nicht beschrieben worden.

Transkriptom-Analysen der Haut mittels verschiedener Verfahren, einschließlich der SAGE™-Analyse, sind Stand der Technik. Allerdings werden hierbei isolierte Keratinozyten (in vitro) oder Epidermis-Explantate verwendet, die - wie oben erläutert - keine für das komplexe Geschehen in der Haut repräsentativen Modelle darstellen.

Aus der DE-A-101 00 127.4-41 der Anmelderin ist bekannt, Hautzellen einer SAGE™-Analyse zu unterwerfen, um das Gesamttranskriptom der Haut zu charakterisieren. Die DE-A-101 00 121.5-41 der Anmelderin offenbart die Ermittlung von Markern gestreßter bzw. gealterter Haut auf der Basis einer vergleichenden SAGE™-Analyse zwischen gestreßter bzw. gealterter Haut und ungestreßter bzw. junger Haut. Informationen über spezifische Marker humaner Gesichtshaut sind diesen Schriften aber nicht zu entnehmen.

Aus J Invest Dermatol 2002 Jul;119(1):3-13; "A serial analysis of gene expression in sun-damaged human skin"; Urschitz J. et al.; ist bekannt, Marker sonnengeschädigter Haut mittels einer vergleichenden SAGE™-Analyse von Vollhautexplantanten zu bestimmen, die vor der Ohrmuschel (sonnengeschädigt) bzw. hinter der Ohrmuschel (geschützt vor Sonnenstrahlung) entnommen wurden. Aus dieser Publikation lassen sich gleichfalls keinerlei Kenntnisse über spezifische Marker humaner Gesichtshaut gewinnen.

Es besteht daher ein Bedarf an der Identifikation möglichst vieler, vorzugsweise aller, für die humane Gesichtshaut wichtigen Gene, insbesondere der für die humane Gesichtshaut spezifisch wichtigen Gene.

Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist es daher, einen möglichst großen Teil der für die humane Gesichtshaut bedeutsamen Gene zu identifizieren. Außerdem sollen mittels der identifizierten Gene Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut bereitgestellt werden.

Diese erste Aufgabe wird erfindungsgemäß gelöst durch ein Verfahren (1) zur Identifizierung der für die humane Gesichtshaut bedeutsamen Gene bei Menschen in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man

- ein erstes Gemisch von in humaner Gesichtshaut exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus humaner Gesichtshaut gewinnt,
- b) ein zweites Gemisch von in anderen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus anderen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere aus Haut geschützter Areale, vorzugsweise aus Brusthaut, gewinnt und

c) die in a) und b) gewonnenen Gemische einer Seriellen Analyse der Genexpression (SAGE) unterwirft, und dadurch die Gene identifiziert, die in humaner Gesichtshaut unterschiedlich stark (differentiell) exprimiert werden.

Durch das erfindungsgemäße Verfahren wird es vorteilhafterweise möglich, den komplexen Prozess zellulärer Reaktionen auf die Umwelt und die zu Grundeliegenden kausalen Zusammenhänge in der Gesichtshaut zu begreifen. Mit diesem Wissen können neue Konzepte für kosmetische Gesichts-Produkte entwickelt werden, die ihre Wirkung auf das breite Spektrum der Genexpression in Gesichtshaut ausüben. Die im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens durchgeführte SAGE™-Analyse zeigt erstmals, welche Gene in Gesichtshaut exprimiert werden, und welche Gene dort anders exprimiert werden als in anderen Geweben, insbesondere in der Haut geschützter Areale, wie z.B. der Brusthaut.

Die am Markt befindlichen kosmetischen Gesichts-Produkte üben ihre Wirkungen zumeist auf einige wenige bekannte Marker der Haut aus (z.B. Kollagen). Erst die vorliegenden Untersuchungsergebnisse erlauben ein Verständnis der komplexen biologischen Prozesse im humaner Gesichtshaut. Die Identifikation geeigneter Marker der Gesichtshaut gestattet somit die gezielte Suche nach Substanzen oder Kombinationen von Substanzen mit einem breiten Wirkspektrum auf die Genexpression in Gesichtsgewebe. Produkte dieser Art konnten jedoch bis zu dem jetzigen Zeitpunkt nicht entwickelt werden, da eine Vielzahl der Gesichtshautmarker noch nicht bekannt waren.

Die Gesamtheit aller m-RNA-Moleküle, die von einer Zelle oder einem Gewebe zu einem bestimmten Zeitpunkt synthetisiert werden, bezeichnet man als "Transkriptom". Zur Erfassung des Transkriptoms der Gesichtshaut wurde die Technik der "Seriellen Analyse der Genexpression" (SAGE™) eingesetzt. Diese Technik erlaubt gleichzeitig die Identifikation und Quantifizierung aller in der Gesichtshaut exprimierten Gene. Die Analyse der Genexpression ist zwar auch mit der Quantifizierung spezifischer mRNA-Moleküle möglich (z.B. Northern-Blot, RNase-Schutzexperimente). Mit diesen Techniken können jedoch nur eine relativ begrenzte Anzahl an Genen gemessen werden. Theoretisch könnten die

6

Techniken MPSS (Massive Parallel Signiture Sequencing) oder Techniken, die auf Differential display beruhen, die SAGE™-Analyse ersetzen. Praktisch ist die SAGE™-Technik jedoch bislang schneller und zuverlässiger als Alternativmethoden und somit zu bevorzugen.

Der Vergleich des Transkriptoms humaner Gesichtshaut, mit dem Transkriptom anderer menschlicher Gewebe (nicht Gesichtshaut), insbesondere der Haut geschützter Areale, vorzugsweise der Brusthaut, lässt die Unterscheidung zwischen für die Gesichtshaut relevanten und nicht relevanten Genen zu. Dies können Gene sein, die in Gesichtshaut besonders stark exprimiert werden oder auch Gene sein, die dadurch gekennzeichnet sind, dass sie im Vergleich zur Brusthaut nur gering exprimiert werden.

Im Rahmen von plastisch chirurgischen Operationen wie z.B. "Unteren Facelifts" oder "Mammareduktionen" fallen von Patienten Gewebe aus dem Bereich vor dem Ohr (Gesichtshaut) und auch von der weiblichen Brust an. Die Analyse solcher Gewebeproben erlaubt daher die Beschreibung der Transkriptome der Gesichtshaut und der Brusthaut. Der Vergleich beider Transkriptome zeigt welche Gene besonders berücksichtigt werden müssen.

Nach seriösen Schätzungen beträgt der Anteil an mRNA-Spezies die in maximal 5 Kopien pro Zelle vorliegen rund 87%. Dieser Anteil gering exprimierter Gene läßt vermuten, dass die Expression Gesichtshaut-spezifischer Gene ebenfalls zu rund 87% durch gering exprimierte Gene dargestellt sein könnte.

Um die Gesichtshaut-spezifische Genexpression dennoch zu erfassen, können auch geringe, statistisch wenig signifikante Unterschiede durch weitere relevante SAGE™-Analysen mit in die Auswertung aufgenommen werden. So können z.b. auf der Basis von SAGE™-Analysen ermittelte Genexpressionsdaten mit einer öffentlich zugänglichen SAGE™-Datenbank (CGAP), die aus ca. 2.5 Mio Tags besteht, die alle nicht aus Haut stammen, verglichen und so gesichert werden.

Die CGAP-Datenbank ist beim NCBI online unter der URL

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SAGE einsehbar.

Der vorliegenden Anmeldung liegt die CGAP-Datenbank in einer Version vom 24.09.2000 zugrunde. Im einzelnen umfasst die Datenbank 66 Projekte, die von der URL

ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/pub/sage/fasta erhalten wurden.

Nachfolgend sind die Bezeichnungen der Projekte und ihr letzter Aktualisierungsstand angegeben:

Sep 5 2000 Duke_H247_Hypoxia

Aug 14 2000 pooled_GBM

Aug 14 2000 normal_pool_6th

Aug 14 2000 normal_cerebellum

Aug 14 2000 mammary_epithelium

Aug 14 2000 Tu98

Aug 14 2000 Tu102

Aug 14 2000 TSU

Aug 14 2000 SciencePark_MCF7_estradiol_10h

Aug 14 2000 SciencePark_MCF7_estradiol 3h

Aug 14 2000 SciencePark_MCF7_control_3h

Aug 14 2000 SciencePark_MCF7_Control_0h

Aug 14 2000 SW837

Aug 14 2000 SKBR3

Aug 14 2000 RKO

Aug 14 2000 Panc_96-6252

Aug 14 2000 Panc_91-16113

Aug 14 2000 OVT-8

Aug 14 2000 OVT-7

Aug 14 2000 OVT-6

Aug 14 2000 OVP-5

Aug 14 2000 OVCA432-2

Aug 14 2000 OV1063-3

Aug 14 2000 NHA_5th

Aug 14 2000 NC2

Aug 14 2000 NC1

Aug 14 2000 ML10-10

Aug 14 2000 MDA453

Aug 14 2000 LNCaP

Aug 14 2000 IOSE29-11

Aug 14 2000 HOSE_4

Aug 14 2000 HCT116

Aug 14 2000 H1126

Aug 14 2000 ES2-1

Aug 14 2000 Duke thalamus

Aug 14 2000 Duke_post_crisis_fibroblasts

Aug 14 2000 Duke_precrisis_fibroblasts

Aug 14 2000 Duke_cerebellum

Aug 14 2000 Duke_HMVEC_VEGF

Aug 14 2000 Duke_HMVEC

Aug 14 2000 Duke H341

Aug 14 2000 Duke H247 normal

Aug 14 2000 Duke H1043

Aug 14 2000 Duke H1020

Aug 14 2000 Duke_BB542_normal_cerebellum

Aug 14 2000 Duke_GBM_H1110

Aug 14 2000 Duke 96-349

Aug 14 2000 Duke_757

Aug 14 2000 Duke 48N

Aug 14 2000 Duke_40N

Aug 14 2000 Duke_1273

Aug 14 2000 Duke-H988

Aug 14 2000 DCIS

Aug 14 2000 Caco_2

Aug 14 2000 Chen_Tumor Pr

Aug 14 2000 Chen_Normal_Pr

Aug 14 2000 Chen_LNCaP no-DHT

Aug 14 2000 Chen_LNCaP

Aug 14 2000 CPDR LNCaP-T

Aug 14 2000 CPDR_LNCaP-C

Aug 14 2000 Br N

Aug 14 2000 BB542 whitematter

Aug 14 2000 Aplus

Aug 14 2000 A2780-9

Aug 14 2000 293-CTRL

Aug 12 2000 Duke_mhh-1

Für die SAGE™-Analyse wurde humane Gesichtshaut von einer gesunden weiblichen Spenderin (65 Jahre alt) und Brusthaut von einer anderen gesunden weiblichen Spenderin (69 Jahre alt) verwendet. Die Durchführung der SAGE™-Analyse erfolgte, wie in der EP-A-0 761 822 und bei Velculescu, V.E. et al., 1995 Science 270, 484-487, beschrieben. Diese Technik erlaubt gleichzeitig die Identifikation und Quantifizierung der in Gesichtshaut exprimierten Gene.

Zur bioinformatischen Analyse wurden beide SAGE™-Libraries (Gesichtshaut-Library und Brust-Library) auf die durchschnittliche Tag-Anzahl normiert, miteinander verglichen und Gene mit einer Gesichtshaut-spezifischen Regulation identifiziert. Wie für zwei Libraries desselben Gewebetyps erwartet, ist das Tag-Repertoire der beiden Haut-Libraries weitgehend ähnlich.

Zur Bestätigung differentiell exprimierter Gene mit einer geringen statistischen Signifikanz, wurden zuzüglich die SAGE™-Daten der Gesichtshaut mit der obengenannten CGAP-Bank verglichen. Da hier zwei SAGE-Banken verglichen wurden, die eine stark unterschiedliche Tag-Häufigkeit aufweisen, wurden nicht beide SAGE™-Libraries auf ihren gemeinsamen Mittelwert normiert, sondern die CGAP-Bank auf die SAGE™-Library der Gesichtshaut normiert.

Die Tabellen 1 bis 4 enthalten eine detaillierte Auflistung der mit Hilfe des erfindungsgemäßen Verfahrens ermittelten, in Gesichtshaut und in anderen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut differentiell exprimierten Gene unter Angabe

- einer laufenden Ordnungsnummer in Spalte 1,
- der verwendeten Tag-Sequenz in Spalte 2,
- des Quotienten der ermittelten relativen Expressionsfrequenz in Gesichtshaut (Face) und der ermittelten relativen Expressionsfrequenz in Brusthaut (Breast) in Spalte 3,
- der Signifikanz der in Spalte 3 genannten Werte in Spalte 4,
- der UniGene-Accession-Number in Spalte 5 und
- einer Kurzbeschreibung des Gens bzw. Genproduktes in Spalte 6

10

Die Tabellen 5 bis 12 enthalten eine detaillierte Auflistung der mit Hilfe des erfindungsgemäßen Verfahrens ermittelten, in Gesichtshaut und in anderen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut differentiell exprimierten Gene unter Angabe

- einer laufenden Ordnungsnummer in Spalte 1,
- der verwendeten Tag-Sequenz in Spalte 2,
- des Quotienten der ermittelten relativen Expressionsfrequenz in Gesichtshaut (Face) und der ermittelten relativen Expressionsfrequenz in Brusthaut (Breast) in Spalte 3,
- der Signifikanz der in Spalte 3 genannten Werte in Spalte 4,
- des Quotienten der ermittelten relativen Expressionsfrequenz in Gesichtshaut (Face) und der relativen Expressionsfrequenz in der CGAP-Datenbank in Spalte 5,
- der Signifikanz der in Spalte 5 genannten Werte in Spalte 6,
- der UniGene-Accession-Number in Spalte 7,
- einer Kurzbeschreibung des Gens bzw. Genproduktes in Spalte 8 und
- des Quotienten (Face/Breast) / (Face/CGAP) in Spalte 9.

Der Quotient in Spalte 3 gibt die Stärke der differentiellen Expression an, d. h., um welchen Faktor das jeweilige Gen in Gesichtshaut (Face) stärker exprimiert wird, als in Brusthaut (Breast), oder umgekehrt.

11

Der Quotient in Spalte 5 gibt die Stärke der differentiellen Expression an, d. h., um welchen Faktor das jeweilige Gen in Gesichtshaut (Face) stärker exprimiert wird, als in sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, oder umgekehrt.

Unter ihrer UniGene-Accession-Number sind die jeweiligen Gene bzw. Genprodukte in der Datenbank des National Center for Biotechnology Information (NCBI) offenbart. Diese Datenbank ist im Internet unter folgender Adresse zugänglich: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/.

Die Gene bzw. Genprodukte sind außerdem unter den Internet-Adressen http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene/Hs.Home.html oder http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide direkt zugänglich.

In Tabelle 1 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) mindestens 10-fach differentiell exprimiert werden.

In Tabelle 2 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) mindestens 5-fach differentiell exprimiert werden.

In Tabelle 3 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) mindestens 3-fach differentiell exprimiert werden.

In Tabelle 4 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) mindestens 1,9-fach differentiell exprimiert werden.

In Tabelle 5 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 5-fach differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch

die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) mindestens 5-fach differentiell exprimiert werden. Der Vergleich der subsignifikanten Face/Breast-Daten mit unabhängigen SAGE™-Daten (Face/CGAP) bestätigt die differentielle Genexpression und validiert die Marker der Gesichtshaut.

In Tabelle 6 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 5-fach differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 5-fach differentiell exprimiert werden, deren Expression sich um weniger als eine Zehnerpotenz unterscheidet, dh., der Quotient (Face/Breast) / (Face/CGAP) ist kleiner als 10 oder größer als 0,1. Der Vergleich der subsignifikanten Face/Breast-Daten mit unabhängigen SAGE™-Daten (Face/CGAP) bestätigt die differentielle Genexpression und validiert die Marker der Gesichtshaut.

In Tabelle 7 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 3-fach differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) mindestens 3-fach differentiell exprimiert werden. Der Vergleich der subsignifikanten Face/Breast-Daten mit unabhängigen SAGE™-Daten (Face/CGAP) bestätigt die differentielle Genexpression und validiert die Marker der Gesichtshaut.

In Tabelle 8 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 3-fach differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p<0,05 (Signif

PCT/EP2003/014068

<1,3) mindestens 3-fach differentiell exprimiert werden, deren Expression sich um weniger als eine Zehnerpotenz unterscheidet, dh., der Quotient (Face/Breast) / (Face/CGAP) ist kleiner als 10 oder größer als 0,1. Der Vergleich der subsignifikanten Face/Breast-Daten mit unabhängigen SAGE™-Daten (Face/CGAP) bestätigt die differentielle Genexpression und validiert die Marker der Gesichtshaut.</p>

In Tabelle 9 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 1,9-fach differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) mindestens 1,9-fach differentiell exprimiert werden. Der Vergleich der subsignifikanten Face/Breast-Daten mit unabhängigen SAGE™-Daten (Face/CGAP) bestätigt die differentielle Genexpression und validiert die Marker der Gesichtshaut.

In Tabelle 10 sind alle Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 1,9-fach differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) mindestens 1,9-fach differentiell exprimiert werden, deren Expression sich um weniger als eine Zehnerpotenz unterscheidet, dh., der Quotient (Face/Breast) / (Face/CGAP) ist kleiner als 10 oder größer als 0,1. Der Vergleich der subsignifikanten Face/Breast-Daten mit unabhängigen SAGE™-Daten (Face/CGAP) bestätigt die differentielle Genexpression und validiert die Marker der Gesichtshaut.

In Tabelle 11 sind weitere Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch

die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p>0,05 (Signif >1,3) differentiell exprimiert werden, deren Expression sich um mehr als eine Zehnerpotenz unterscheidet, dh., der Quotient (Face/Breast) / (Face/CGAP) ist größer als 10 oder kleiner als 0,1. Der Vergleich der subsignifikanten Face/Breast-Daten mit unabhängigen SAGE™-Daten (Face/CGAP) bestätigt die differentielle Genexpression und validiert die Marker der Gesichtshaut.

In Tabelle 12 sind weitere Gene aufgelistet, die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu Brusthaut (Breast) mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) differentiell exprimiert werden und die in Gesichtshaut (Face) im Vergleich zu sonstigen menschlichen Geweben (außer Haut), deren Expressionsprofile durch die CGAP-Datenbank repräsentiert werden, mit einem p-Value von p<0,05 (Signif <1,3) differentiell exprimiert werden, deren Expression sich um mehr als eine Zehnerpotenz unterscheidet, dh., der Quotient (Face/Breast) / (Face/CGAP) ist größer als 10 oder kleiner als 0,1.

Die zweite der vorliegenden Erfindung zugrundeliegende Aufgabe wird erfindungsgemäß gelöst durch ein Verfahren (2) zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, insbesondere weiblicher Gesichtshaut, in vitro, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man

- a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus humaner Gesichtshaut gewinnt,
- b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) als in humaner Gesichtshaut und in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, differentiell exprimiert identifiziert werden,
- c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) identifizierten Expressionsmustern vergleicht und
- d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder bzw. in Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in Gesichtshaut

PCT/EP2003/014068

stärker exprimiert werden als in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut stärker exprimiert werden als in Gesichtshaut.

Die Gewinnung des Gemisches in Schritt a) des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut kann aus Vollhautproben, Hautäquivalenten, oder Zellen humaner Gesichtshaut vorgenommen werden.

Es kann in Schritt b) des Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ausreichend sein, das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen zu untersuchen, die mittels Serieller Analyse der Genexpression (SAGE) als in Gesichtshaut und in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut differentiell exprimiert identifiziert werden, wenn diese ausschließlich in Gesichtshaut oder ausschließlich in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut exprimiert werden. In allen anderen Fällen muß in Schritt b) auch die Menge der differentiell exprimierten Moleküle untersucht werden, d. h., die Expression muß quantifiziert werden.

In Schritt d) des Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut wird das in b) untersuchte Gemisch gesünder humaner Gesichtshaut zugeordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in humaner Gesichtshaut stärker exprimiert werden als in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, d. h., daß

das Gemisch entweder mehr unterschiedliche typischerweise in humaner Gesichtshaut exprimierte Verbindungen enthält, als solche, die typischerweise in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut exprimiert werden (qualitative Differenzierung), oder mehr Kopien von typischerweise in humaner Gesichtshaut exprimierten Verbindungen enthält, als typischerweise in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut vorhanden sind (quantitative Differenzierung). Für die Zuordnung zu kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher humaner Gesichtshaut wird in komplementärer Weise verfahren.

Eine bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 11 und 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 11 und 12 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut stärker exprimiert werden als in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut stärker exprimiert werden als in humaner Gesichtshaut.

PCT/EP2003/014068

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 9 und 10 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 9 und 10 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 7 und 8 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 7 und 8 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut

mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

18

Eine besonders bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 5 und 6 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 5 und 6 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

Eine weitere besonders bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 4 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 5 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und

in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

Eine weitere besonders bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 3 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 3 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und

in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in

gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

Eine weitere besonders bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 2 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 2 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und

in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

Eine weitere ganz besonders bevorzugte Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man

in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente

von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 1 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,

21

in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 1 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und

in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 10-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 10-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

Man kann den Zustand der Gesichtshaut auch dadurch beschreiben, daß mehrere Marker (Expressionprodukte der für Gesichtshaut bedeutsamen Gene) quantifiziert werden, die dann untereinander in einem charakteristischen Verhältnis aktiv sein müssen, um gesunde (in Homeostase befindliche) Gesichtshaut zu repräsentieren, bzw. in einem hiervon verschiedenen charakteristischen Verhältnis aktiv sein müssen, um kranke (in gestörter Homeostase befindliche) Gesichtshaut zu repräsentieren.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist daher ein Verfahren (3) zur Bestimmung der Homeostase der Gesichtshaut bei Menschen, insbesondere bei Frauen, in vitro, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man

- a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus humaner Gesichtshaut gewinnt,
- b) in dem gewonnenen Gemisch mindestens zwei der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen quantifiziert, die mittels Verfahren (1) als für Gesichtshaut bedeutsam identifiziert werden,

- c) die Expressionsverhältnisse der mindestens zwei Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen zueinander bestimmt und den Expressionsquotienten bildet,
- d) die Expressionsverhältnisse aus c) mit den Expressionsverhältnissen vergleicht, die für die in b) quantifizierten Moleküle typischerweise in Gesichtshaut bzw. in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut vorliegen, insbesondere mit den Expressionsverhältnissen, die sich aus den Tabellen 1 bis 4, Spalte 3 bzw. den Tabellen 5 bis 12, Spalten 3 und 5 ergeben, und
- e) das in a) gewonnene Gemisch gesunder (in Homeostase befindlicher) humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen in humaner Gesichtshaut entsprechen, oder das in a) gewonnene Gemisch kranker (in gestörter Homeostase befindlicher) Gesichtshaut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen in sonstigen menschlichen Geweben (nicht Gesichtshaut), insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut entsprechen.

Vorzugsweise gewinnt man in Schritt a) der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut das Gemisch aus einer Hautprobe, insbesondere aus einer Vollhautprobe oder aus einer Epidermisprobe. Hierbei eröffnet die Vollhautprobe umfassendere Vergleichsmöglichkeiten mit den gleichfalls aus Vollhaut gewonnenen SAGE-Libraries. Die Epidermisprobe ist hingegen leichter zu gewinnen, beispielsweise durch Aufbringen eines Klebebandes auf die Haut und Abreißen desselben, wie in der WO 00/10579 beschrieben, auf die hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

In einer weiteren Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut gewinnt man in Schritt a) das Gemisch mittels Mikrodialyse. Die Technik der Mikrodialyse wird beispielsweise in "Microdialysis: A method for measurement of local tissue metabolism", Nielsen PS, Winge K, Petersen LM; Ugeskr Laeger 1999 Mar 22 161:12 1735-8; sowie in "Cutaneous microdialysis for human in vivo dermal

PCT/EP2003/014068

WO 2004/059001

absorption studies", Anderson, C. et al.; Drugs Pharm. Sci., 1998, 91, 231-244; und auch im Internet unter http://www.microdialysis.se/techniqu.htm beschrieben, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

23

Bei der Anwendung der Mikrodialyse führt man typischerweise eine Sonde in die Haut ein und beginnt mit einer geeigneten Trägerlösung die Sonde langsam zu spülen. Nach dem Abklingen der akuten Reaktionen nach dem Einstich liefert die Mikrodialyse Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die im extrazellulären Raum vorkommen und die, beispielsweise durch Fraktionierung der Trägerflüssigkeit, dann in vitro isoliert und analysiert werden können. Die Mikrodialyse ist weniger invasiv, als die Entnahme einer Vollhautprobe; sie ist aber nachteiligerweise auf die Gewinnung im extrazelulären Raum vorkommender Verbindungen beschränkt.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) in Verfahren (2) die Untersuchung auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine oder Proteinfragmente; bzw. in Verfahren (3) die Quantifizierung mindestens zweier Proteine oder Proteinfragmente, mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter

- i. Ein- oder zweidimensionaler Gelelektrophorese
- ii. Affinitätschromatographie
- iii. Protein-Protein-Komplexierung in Lösung
- iv. Massenspektrometrie, insbesondere Matrix Assistierter Laser Desorptions Ionisation (MALDI) und insbesondere
- v. Einsatz von Proteinchips, oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.

Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Methoden sind in dem Übersichtsartikel von Akhilesh Pandey und Matthias Mann: "Proteomics to study genes and genomes", Nature, Volume 405, Number 6788, 837 - 846 (2000), und den dort angegebenen Referenzen beschrieben, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Die 2D-Gelelektrophorese, wird beispielsweise in L.D. Adams, Two-dimensional Gel Electrophoresis using the Isodalt System oder in L.D. Adams & S.R. Gallagher, Two-dimensional Gel Electrophoresis using the O'Farrell System; beide in Current Protocols in Molecular Biology (1997, Eds. F.M. Ausubel et al.), Unit 10.3.1 - 10.4.13; oder in 2-D Electrophoresis-Manual; T. Berkelman, T. Senstedt; Amersham Pharmacia Biotech, 1998 (Bestell-Nr. 80-6429-60), beschrieben.

Die massenspektrometrische Charakterisierung der Proteine oder Proteinfragmente erfolgt in der Fachwelt bekannter Weise, beispielsweise wie in den folgenden Literaturstellen beschrieben:

Methods in Molecular Biology, 1999; Vol 112; 2-D Proteome Analysis Protocols; Editor: A. J. Link; Humana Press; Totowa; New Jersey. Darin insbesondere: Courchesne, P. L. und Patterson, S. D.; S. 487-512.

Carr, S. A. und Annan, R. S.; 1997; in: Current Protocols in Molecular Biology; Editor: Ausubel, F. M. et al.; John Wiley and Sons, Inc. 10.2.1-10.21.27.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) in Verfahren (2) die Untersuchung auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente; bzw. in Verfahren (3) die Quantifizierung mindestens zweier mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter

- i. Northern Blots,
- ii. Reverse Transkriptase Polymerasekettenreaktion (RT-PCR),
- iii. RNase-Schutzexperimente,
- iv. Dot-Blots,
- v. cDNA-Sequenzierung,
- vi. Klon-Hybridisierung,
- vii. Differential Display,
- viii. Subtraktive Hybridisierung,

- ix. cDNA-Fragment-Fingerprinting,
- x. Total Gene Expression Analysis (TOGA),
- xi. Serielle Analyse der Genexpression (SAGE),
- xii. Massively Parallel Signature Sequencing (MPSS®) und insbesondere
- xiii. Einsatz von Nukleinsäurechips,

oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.

Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Methoden sind in den Übersichtsartikeln von Akhilesh Pandey und Matthias Mann: "Proteomics to study genes and genomes", Nature, Volume 405, Number 6788, 837 - 846 (2000), und "Genomics, gene expression and DNA arrays", Nature, Volume 405, Number 6788, 827 - 836 (2000), und den dort angegebenen Referenzen beschrieben, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Das TOGA-Verfahren ist in "J. Gregor Sutcliffe et al, TOGA: An automated parsing technology for analyzing expression of nearly all genes, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS), Vol. 97, No. 5, pp. 1976-1981 (2000)" beschrieben, worauf hiermit vollumfänglich Bezug genommen wird.

Das MPSS[®]-Verfahren ist in der US-A-6,013,445 beschrieben, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Es können jedoch erfindungsgemäß auch andere dem Fachmann bekannte Methoden zur Untersuchung auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen eingesetzt werden.

Eine weitere bevorzugte Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut ist dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von 1 bis etwa 5000, bevorzugt 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den

Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Test-Kit zur Bestimmung der Homeostase der Gesichtshaut bei Menschen in vitro, umfassend Mittel zur Durchführung der erfindungsgemäßen Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Biochip zur Bestimmung der Homeostase der Gesichtshaut bei Menschen in vitro, umfassend

- i. einen festen, d. h. starren oder flexiblen Träger und
- ii. auf diesem immobilisierte Sonden, die zur spezifischen Bindung an mindestens eines der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen befähigt sind, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, insbesondere solche, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 durch folgende UniGene-Accession-Numbers definiert werden:
 - Tabelle 1: Hs.112457, Hs.83190, Hs.80342, Hs.198862, Hs.295726,
 Hs.100000, Hs.334309, Hs.790, Hs.3416, Hs.277543, Hs.251531,
 Hs.79732, Hs.75777, Hs.99853, Hs.172928, Hs.159263;
 - Tabelle 2: Hs.344027, Hs.245188, Hs.77910, Hs.77060, Hs.75318,
 Hs.74304, Hs.3416, Hs.18420, Hs.334305, Hs.287820, Hs.117938;
 - Tabelle 3: Hs.344027, Hs.296049, Hs.2785, Hs.75445, Hs.75736, Hs.74471, Hs.11050, Hs.334822, Hs.38991, Hs.288998, Hs.239189, Hs.149609, Hs.17409;
 - Tabelle 4: Hs.153179, Hs.73995, Hs.111301, Hs.119301, Hs.172928, Hs.14376.

Bei einem BioChip handelt es sich um ein miniaturisiertes Funktionselement mit auf einer Oberfläche immobilisierten Molekülen, insbesondere Biomolekülen, die als spezifische Interaktionspartner dienen können.

Häufig weist die Struktur dieser Funktionselemente Reihen und Spalten auf; man spricht dann von Chip-"Arrays". Da tausende von biologischen bzw. biochemischen Funktionselementen auf einem Chip angeordnet sein können, müssen diese in der Regel mit mikrotechnischen Methoden angefertigt werden.

Als biologische und biochemische Funktionselemente kommen insbesondere in Frage: DNA, RNA, PNA, (bei Nukleinsäuren und ihren chemischen Derivaten können z. B. Einzelstränge, Triplex-Strukturen oder Kombinationen hiervon vorliegen), Saccharide, Peptide, Proteine (z. B. Antikörper, Antigene, Rezeptoren) und Derivate der kombinatorischen Chemie (z. B. organische Moleküle).

Im allgemeinen haben BioChips eine 2D-Basisfläche für das Beschichten mit biologisch oder biochemisch funktionellen Materialien. Die Basisflächen können beispielweise auch von Wänden einer oder mehrerer Kapillaren oder von Kanälen gebildet sein.

Zum Stand der Technik kann z. B. auf folgende Publikationen hingewiesen werden: Nature Genetics, Vol. 21, supplement (Gesamt), Jan. 1999 (BioChips); Nature Biotechnology, Vol. 16, S. 981-983, Okt. 1998 (BioChips); Trends in Biotechnology, Vol. 16, S. 301-306, Jul. 1998 (BioChips) sowie die bereits genannten Übersichtsartikel von Akhilesh Pandey und Matthias Mann: "Proteomics to study genes and genomes", Nature, Volume 405, Number 6788, 837 - 846 (2000), und "Genomics, gene expression and DNA arrays", Nature, Volume 405, Number 6788, 827 - 836 (2000), und die dort angegebenen Referenzen, worauf hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Eine übersichtliche Darstellung der praktischen Anwendungsverfahren der DNA-Chiptechnologie liefern die Bücher "DNA Microarrays: A Practical Approach" (Editor: Mark Schena, 1999, Oxford University Press) und "Microarray Biochip Technology" (Editor: Mark Schena, 2000, Eaton Publishing), auf die hiermit in vollem Umfang Bezug genommen wird.

Die im Rahmen der vorliegenden Erfindung besonders bevorzugte DNA-Chiptechnologie beruht auf der Fähigkeit von Nukleinsäuren komplementäre Basenpaarungen einzugehen. Dieses als Hybridisierung bezeichnete technische Prinzip wird bereits seit Jahren bei der Southern-Blot- und Northern-Blot-Analyse

eingesetzt. Im Vergleich zu diesen herkömmlichen Methoden, bei denen lediglich einige wenige Gene analysiert werden, gestattet es die DNA-Chiptechnologie einige hundert bis zu mehreren zehntausend Genen parallel zu untersuchen.

Ein DNA-Chip besteht im wesentlichen aus einem Trägermaterial (z.B. Glas oder Kunststoff), auf dem einzelsträngige, genspezifische Sonden in hoher Dichte an einer definierten Stelle (Spot) immobilisiert werden. Als problematisch wird dabei die Technik der Sonden-Applikation und die Chemie der Sonden-Immobilisierung eingeschätzt.

Nach dem derzeitigen Stand der Technik sind mehrere Wege der Sonden-Immobilisierung realisiert:

E.M. Southern (E.M. Southern et al. (1992), Nucleic Acid Research 20, 1679-1684 und E.M. Southern et al. (1997), Nucleic Acid Research 25, 1155-1161) beschreibt die Herstellung von Oligonukleotidanordnungen durch direkte Synthese an einer Glasoberfläche, die mit 3-Glycidoxypropyltrimethoxysilan und anschließend mit einem Glycol derivatisiert wurde.

Ein ähnliches Verfahren realisiert die *in situ* Synthese von Oligonukleotiden mittels einer photosensitiven, kombinatorischen Chemie, die mit photolithographischen Techniken verglichen werden kann (Pease, A.C. et al. (1994), Proc. Natl Acad Sci USA 91, 5022-5026).

Neben diesen auf der *in situ-*Synthese von Oligonukleotiden beruhenden Techniken können ebenso bereits vorhandene DNA-Moleküle an Oberflächen von Trägermaterial gebunden werden.

P.O. Brown (DeRisi et al. (1997), Science 278, 680-686) beschreibt die Immobilisierung von DNA an mit Polylysin beschichteten Glasoberflächen.

Die Veröffentlichung von L.M. Smith (Guo, Z. et al. (1994), Nucleic Acid Research 22, 5456-5465) legt ein ähnliches Verfahren offen: Oligonukleotide, die eine 5'terminale Aminogruppe tragen, können an eine Glasoberfläche gebunden werden, die mit 3-Aminopropyltrimethoxysilan und anschließend mit 1,4-Phenyldiisothiocyanat behandelt wurde.

Die Applikation der DNA-Sonden auf einem Träger kann mit einem sogenannten "Pin-Spotter" erfolgen. Dazu tauchen dünne Metallnadeln mit z.B. einem Durchmesser von 250 μ m, in Sondenlösungen ein und überführen anschließend das anhängende Probenmaterial mit definierten Volumina auf das Trägermaterial des DNA-Chips.

Bevorzugterweise erfolgt die Sondenapplikation jedoch mittels eines piezogesteuerten Nanodispensers, der ähnlich einem Tintenstrahldrucker, Sondenlösungen mit einem Volumen von 100 Picolitern kontaktfrei auf die Oberfläche des Trägermaterials aufbringt.

Die Immobilisierung der Sonden erfolgt z.B. wie in der EP-A-0 965 647 beschrieben: Die Generierung von DNA-Sonden erfolgt hierbei mittels PCR unter Verwendung eines sequenzspezifischen Primerpaares, wobei ein Primer am 5'-Ende modifiziert ist und einen Linker mit einer freien Aminogruppe trägt. Damit ist sichergestellt, dass ein definierter Strang der PCR-Produkte an einer Glasoberfläche gebunden werden kann, welche mit 3-Aminopropyltrimethoxysilan und anschließend mit 1,4-Phenyldiisothiocyanat behandelt wurde. genspezifischen PCR-Produkte sollen idealerweise eine definierte Nukleinsäuresequenz in einer Länge von 200-400 bp haben und nicht redundante Sequenzen beinhalten. Nach der Immobilisierung der PCR-Produkte über den derivatisierten Primer wird der Gegenstrang des PCR-Produkts durch eine Inkubation bei 96°C für 10 Min entfernt.

In einer für DNA-Chips typischen Anwendung wird mRNA aus zwei zu vergleichenden Zellpopulationen isoliert. Die isolierten mRNAs werden mittels reverser Transkription unter Verwendung von z.B. fluoreszenzmarkierten Nukleotiden in cDNA umgewandelt. Dabei werden die zu vergleichenden Proben mit z.B. rot bzw. grün fluoreszierenden Nukleotiden markiert. Die cDNAs werden dann mit den auf dem DNA-Chip immobilisierten Gensonden hybridisiert und anschließend die gebundenen Fluoreszenzen quantifiziert.

Für die Herstellung kleiner (bis etwa 500 Sonden umfassender) Biochips sind die

in der DE-A-100 28 257.1-52 und in der DE-A-101 02 063.5-52 genannten Analysechips ganz besonders bevorzugt. Diese Analysechips weisen eine elektrisch adressierbare Struktur auf, die eine Elektrofokussierung der Proben gestattet. Hierduch wird es vorteilhafterweise ermöglicht, Proben unabhängig von ihrer Viskosität mit Hilfe von Elektroden an definierten Punkten eines Punktrasters (Arrays) zu fokussieren und zu immobilisieren. Durch die Fokussierfähigkeit erfolgt gleichzeitig eine Erhöhung der lokalen Konzentration der Proben und so eine höhere Spezifität. Während der Analyse selbst besteht die Möglichkeit das Testgut an die einzelnen Positionen des Arrays zu adressieren. So kann potentiell jede untersuchte Information mit der höchst möglichen Sensitivität aufgespürt werden. Eine Kreuzkontamination durch benachbarte Spots ist nahezu ausgeschlossen.

Der erfindungsgemäße Biochip umfasst bevorzugt 1 bis etwa 5000, bevorzugtermaßen 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 voneinander verschiedene Sonden. Die voneinander verschiedenen Sonden können jeweils in mehrfacher Kopie auf dem Chip vorhanden sein.

Der erfindungsgemäße Biochip umfasst bevorzugt Nukleinsäuresonden, insbesondere RNA- oder PNA-Sonden, besonders bevorzugt DNA-Sonden. Die Nukleinsäuresonden weisen bevorzugt eine Länge von etwa 10 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 800, vorzugsweise etwa 100 bis etwa 600, besonders bevorzugt etwa 200 bis etwa 400 Nukleotiden auf.

In einer weiteren bevorzugten Form umfasst der erfindungsgemäße Biochip Peptid- oder Proteinsonden, insbesondere Antikörper.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, als Marker der Gesichtshaut bei Menschen.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt,
- b) einen Wirkstoff gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut einmal oder mehrmals auf die Gesichtshaut aufbringt,
- c) erneut den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt, und
- d) die Wirksamkeit des Wirkstoffs durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) ermittelt.

Das erfindungsgemäße Testverfahren kann mit Vollhautproben, Hautäquivalenten oder Zellen humaner Gesichtshaut durchgeführt werden.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Test-Kit zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut, umfassend Mittel zur Durchführung des erfindungsgemäßen Testverfahrens.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7

durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut.

Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut umfassen erfindungsgemäß insbesondere Pathologische Zustände der Haut, wie Neurodermitis, Sonnenbrand, Psoriasis, Sklerodermie, Ichtyosis, atopische Dermatitis, Akne, Seborrhoe, Lupus erythematodes, Rosacea, Melanoma, Basalioma, Hautkarzinom, Hautsarkomin, Vitiligo, Acne, Fettige / trockene Gesichthaut.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut in vitro, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man

- a) den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt,
- b) einen potentiellen Wirkstoff gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut einmal oder mehrmals auf die Haut aufbringt,
- c) den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein erfindungsgemäßes Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Test-Kits zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut, oder mittels eines erfindungsgemäßen Biochips bestimmt, und
- d) wirksame Wirkstoffe durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) bestimmt.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen,

die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) wirksame Wirkstoffe mit Hilfe des erfindungsgemäßen Screening-Verfahrens, oder der Verwendung zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut bestimmt und
- b) als wirksam befundene Wirkstoffe mit kosmetisch und pharmakologisch geeigneten und verträglichen Trägern vermischt.

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 34

Tabellen:

Tabelle 1:

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Annotation	Beschreibung	
1.	TTACTTCCCCA	231,45	36,84	Hs.184641	fatty acid desaturase 2 [Swissprot: sp	
2.	AGCGCTGATTC	163,94	26,08	Hs.112457	keratinocyte differentiation- associated	
3.	TGGCCCCAGGT	51,43	14,87	Hs.268571	apolipoprotein C-I [Swissprot: sp O9600	
4.	TTTCTAGTTTG	33,75	5,33	Hs.111894	lysosomal-associated protein transmembra	
5.	TGAGGGAATAA	31,34	8,67	Hs.83848	triosephosphate isomerase 1 [Swissprot:	
6.	GGTTTGGCTTA	24,11	3,80	Hs.73818	ubiquinol-cytochrome c reductase hinge p	
7.	ATCTTTTAAAA	20,89	3,29	Hs.83834	cytochrome b-5 [Swissprot: sp P00167;sp	
8.	ATTTTGATAAT	20,89	3,29	Hs.22391	chromosome 20open reading frame 3 [Swis	
9.	TACAAAACCAT	19,29	3,03	Hs.79110	nucleolin [Swissprot; sp P19338;sp Q9BQ	
10.	TGGAACTGTGA	19,29	3,03	Hs.156813	hypothetical protein MGC10600 [Swisspro	
11.	TGATCTCCAAA	18,08	9,11	Hs.83190	fatty acid synthase [Swissprot: sp P493	
12.	TAATAAAGAAT	17,68	4,54	Hs.80342	keratin 15 [Swissprot: sp P19012;]	
13.	GACATATGTAG	17,68	2,77	Hs.75752	cytochrome c oxidase subunit VIIb	
14.	TAACCAATCAG	17,68	2,77	Hs.479	RAB5C, member RAS oncogene family [Swis	
15.	CATCTAAACTG	17,68	2,77	Hs.180900	Williams-Beuren syndrome	
16.	AATAAATGGAT	17,68	2,77	Hs.109052	chromosome regichromosome 14 open reading frame 2 [Swi	
17.	CTGTTAGTGTG	16,88	4,30	Hs.75375	malate dehydrogenase 1, NAD (soluble) [
18.	TACCCCTGAAC	16,07	2,52	Hs.96840	KIAA1527 protein [Swissprot: sp Q96QP1;	
19.	TACAATAAACC	16,07	4,06	Hs.9071	progesterone receptor membrane component	
20.	CAGACTATGTT	16,07	2,52	Hs.89474	ADP-ribosylation factor 6 [Swissprot: s	
21.	TGTATAAAAAT	16,07	2,52	Hs.82689	tumor rejection antigen (gp96) 1 [Swiss	
22.	TAAAGCAGTAT	16,07	2,52	Hs.31638	restin (Reed-Steinberg cell- expressed in	
23.	GCAAAGATTGT	16,07	2,52	Hs.28631	Homo sapiens cDNA: FLJ22141 fis, clone H	
24.	TACATTATAAA	16,07	2,52	Hs.198862	fibulin 2 [Swissprot: sp P98095;sp Q9Y3	
25.	AAAGTCAGAAG	16,07	2,52	Hs.173554	ubiquinol-cytochrome c reductase	
26.	TTAGTGTCGTA	16,07	2,52	Hs.111779	core pr secreted protein, acidic, cysteine-	

					rich	1
27.	TAACTTGTGAC	15,27	3,83	Hs.295726	integrin, alpha V (vitronectin	
	170101101010	10,27	0,00	110.200120	receptor,	
28.	TACCTGCAGAA	15,27	3,83	Hs.100000	S100 calcium-binding protein A8 (calgran	
29.	ACTTAAGGAAC	14,47	2,26	Hs.76285	DKFZP564B167 protein [Swissprot: sp]O95	
30.	TTTCAGAGAGA	14,47	3,59	Hs.75975	signal recognition particle 9kD [Swissp	
31.	TAAACTTCAAT	14,47	2,26	Hs.75188	wee1+ (S. pombe) homolog [Swissprot: sp	
32.	AAAGCACAAGT	14,47	3,59	Hs.334309	keratin 6A [Swissprot: sp P02538;sp P48	
33.	ATGTAGTAGTG	14,47	2,26	Hs.303627	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein	
34.	TGGCAACCTTT	14,47	2,26	Hs.279952	glutathione S-transferase subunit 13 hom	
35.	GTATAAACGTC	14,47	2,26	Hs.237356	stromal cell-derived factor 1 [Swisspro	
36.	TAATTCTTCTC	14,47	2,26	Hs.1708	chaperonin containing TCP1, subunit 3 (g	
37.	GGCACAGTAAA	14,47	2,26	Hs.11270	hypothetical protein MGC2491 [Swissprot	
38.	TCCTGGGGCAG	14,47	2,26	Hs.107809	KIAA0726 gene product [Swissprot: sp O9	
39.	AAATAAAGAAT	13,66	3,35	Hs.790	microsomal glutathione S- transferase 1	
40.	GTGGAGGGCAC	13,29	38,83	Hs.83393	cystatin E/M [Swissprot: sp Q15828;]	
41.	TACATAATTAC	13,26	12,25	Hs.120980	(Manual assignment) ORF-less transcript	
42.	ATGGCTAAGCT	12,86	2,00	Hs.82280	regulator of G-protein signalling 10 [S	
43.	TTGGGGGTGTA	12,86	2,00	Hs.82276	trichohyalin [Swissprot: sp Q07283;]	'
44.	TAAAGCTGTTA	12,86	2,00	Hs.811	ubiquitin-conjugating enzyme E2B (RAD6 h	
45.	TAAACCGGAAT	12,86	2,00	Hs.7870	hypothetical protein [Swissprot: sp Q9P	
46.	TTAGCAATAAA	12,86	2,00	Hs.74346	hypothetical protein MGC14353 [Swisspro	
47.	TGGTAGTTACC	12,86	2,00	Hs.66881	dynein, cytoplasmic, intermediate polype	*
48.	ATGCTTGCTTG	12,86	2,00	Hs.3416	adipose differentiation-related protein	
49.	CACCTCTTAAT	12,86	2,00	Hs.277543	lipidosin [Swissprot: sp O75126;sp Q96G	
50.	GACGTCTTAAT	12,86	2,00	Hs.251531	proteasome (prosome, macropain) subunit,	
51.	GGGTGCAAAAA	12,86	2,00	Hs.249495	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein	
52.	TACATCCGAAT	12,86	2,00	Hs.21321	Homo sapiens clone FLB9213 PRO2474 mRNA,	
53. 54.	GTGGGGGGAGG	12,86	2,00	Hs.205736	HLA class II region expressed gene KE2	
55.	GTGATGGTGTA CCGTGCTCATC	12,86	3,12	Hs.197345	thyroid autoantigen 70kD (Ku antigen) [
JJ.	COGIGOTOATO	12,05	2,89	Hs.9857	carbonyl reductase [Swissprot:	

г				 -	sp Q9BTZ
	1010700017	40.05	0.00	Us 070070	unactive progesterone receptor, 23
56.	ACAGTGGGGAT	12,05	2,89	Hs.278270	kD []
57.	CAGCTGGCCCA	11,65	5,36	Hs.79732	fibulin 1 [Swissprot:
37.	CAGCIGGCCCA	11,00	5,50	115.79752	sp O60822;sp P231
58.	CATCACGGATC	11,25	1,75	Hs.82112	interleukin 1 receptor, type I
30.	CATCACGGATO	11,20	1,70	113.02112	[Swisspr
59.	GAAACAAGATG	11,25	2,66	Hs.78771	phosphoglycerate kinase 1
33.	ON TO THE ONLY	11,20	2,00	110.70771	[Swissprot: s
60.	GGCCATCTCTT	11,25	2,66	Hs.74405	tyrosine 3-
		,==	_,-,		monooxygenase/tryptophan 5-mo
61.	TATGTTTCAGG	11,25	1,75	Hs.62	protein tyrosine phosphatase, non-
			·		recept
62.	GAAATAAAAGC	11,25	1,75	Hs.57783	eukaryotic translation initiation factor
63.	CTGCTAGGAAA	11,25	1,75	Hs.4147	translocating chain-associating
					membrane
64.	GCTGCTCCCTT	11,25	1,75	Hs.343579	Homo sapiens, Similar to RIKEN
					cDNA 1110
65.	GTGAACTTTAT	11,25	1,75	Hs.25956	DKFZP564D206 protein [Swissprot:
					sp Q96
66.	TATGGGGAAGT	11,25	1,75	Hs.240443	Homo sapiens cDNA: FLJ23538 fis,
					clone L
67.	GTTTCTGCAAT	11,25	1,75	Hs.179825	RAN binding protein 2-like 1
					[Swissprot
68.	TTAACACTGTG	11,25	1,75	Hs.172069	DKFZP434C212 protein [Swissprot:
				11 470040	sp Q96
69.	GTGATTATGAT	11,25	1,75	Hs.170318	(Manual assignment) HIP1-
70	TOOTOAAOATA	44.05	4 75	11- 440757	interacting pro
70.	TCCTCAAGATA	11,25	1,75	Hs.118757	enhancer of rudimentary (Drosophila) hom
71.	GGCTGTACCCA	11,25	2,66	Hs.108080	cysteine and glycine-rich protein 1
''	GGCTGTACCCA	11,20	2,00	115.100000	Sw
72.	GGGGTAAGAAA	10,45	2,43	Hs.80423	prostatic binding protein [Swissprot:
'-'		10,10	_, .0	110.00120	s
73.	AGTTTCCCAAT	10,45	2,43	Hs.279929	gp25L2 protein [Swissprot:
			_,		sp Q14437;sp
74.	TTGGGATGGGA	10,45	2,43	Hs.278568	H factor (complement)-like 1
		•			[Swissprot
75.	AGATTCAAACT	10,45	2,43	Hs.14368	SH3 domain binding glutamic acid-
		,			rich pr
76.	TAAGGAGCTGA	10,05	16,76	Hs.299465	ribosomal protein S26 [Swissprot:
					sp P0
77.	GTGGCGGGAGC	-10,00	1,81	Hs.68257	general transcription factor IIF,
					polype
78.	ACTGTAATCCC	-10,00	1,81	Hs.44898	Homo sapiens clone TCCCTA00151
					mRNA sequ
79.	CCTGTGGTCTC	-10,00	1,81	Hs.344624	EST, Weakly similar to I38022
	100000000000000000000000000000000000000	40.00	4.04	Un 225400	hypothetic
80.	AGCCCGGGAGG	-10,00	1,81	Hs.335408	ESTs [Swissprot: none]
	GGGCCTGGGGC	-10,00	1,81	Hs.334100	ESTs [Swissprot: none]
82.	CGTGTAATCCC	-10,00	1,81	Hs.332804	EST [Swissprot: none]
83.	GTGGAACCCTG	-10,00	1,81	Hs.310778	ESTs, Moderately similar to
					ALU7_HUMAN A
84.	GTGGCACATTC	-10,00	1,81	Hs.302852	EST, Weakly similar to JC5238
			<u> </u>		galactosyl
85.	CCTGTAATCAC	-10,00	1,81	Hs.266136	ESTs [Swissprot: none]

86.	CCTGTAGTACC	-10,00	1,81	Hs.249212	polymerase (RNA) III (DNA directed)
00.					(155
87.	GCCAAGGGGCC	-10,00	1,81	Hs.168669	oxoglutarate (alpha-ketoglutarate) dehyd
88.	TAGCTGCTGGT	-10,00	1,81	Hs.11482	splicing factor, arginine/serine-rich 11
89.	AAGGTAGCAGA	-10,00	1,81	Hs.104125	adenylyl cyclase-associated protein
90.	GGCCCTAGGCA	-10,37	5,99	Hs.78909	butyrate response factor 2 (EGF- response
91.	GTGGTGGGTGC	-10,89	8,36	Hs.112748	Homo sapiens cDNA: FLJ21543 fis, clone C
92.	GTGAAACCCGG	-11,20	2,39	Hs.304269	EST [Swissprot: none]
93.	TTGGCTTTTCT	-11,20	2,39	Hs.218329	hypothetical protein [Swissprot: sp O95
94.	CACCTGTAATC	-11,82	4,84	Hs.325049	EST [Swissprot: none]
95.	ACAACTTTTAT	-12,00	2,16	Hs.346941	EST [Swissprot: none]
96.	GTGGCAGGTAC	-12,00	2,16	Hs.306995	hypothetical protein MGC5457
			-		[Swissprot
97.	GCAAAATCCCA	-12,00	2,16	Hs.304209	EST [Swissprot: none]
98.	ACGAAACCCTG	-12,00	2,16	Hs.293643	ESTs [Swissprot: none]
99.	TCTGTTGTTCA	-12,00	2,16	Hs.289770	ESTs, Weakly similar to I38022 hypotheti
100	AGGTCAGAAGA	-12,00	2,16	Hs.23437	Homo sapiens cDNA FLJ13555 fis, clone PL
101	СТСССТСТССС	-12,00	2,16	Hs.194534	vesicle-associated membrane protein 2 (s
102	GACCCTGCCCT	-12,00	2,16	Hs.173464	FK506-binding protein 8 (38kD) [Swisspr
103	TTGAAACCCCA	-12,00	2,16	Hs.102415	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586N0121 (f
104	CCTGTAGTCTC	-12,44	2,71	Hs.270487	Homo sapiens cDNA: FLJ21356 fis, clone C
105	CCACTGCGCTC	-12,44	2,71	Hs.260287	KIAA1841 protein [Swissprot: sp[Q96JI6;
106	GTGGCACACAC	-12,86	7,85	Hs.269926	Homo sapiens cDNA: FLJ21441 fis, clone C
107	ACAGGCTACGG	-13,69	3,03	Hs.75777	transgelin [Swissprot: sp Q01995;sp Q96
108	ATGGTGGGGA	-13,69	3,03	Hs.343586	zinc finger protein homologous to Zfp-36
109	GTGGCGTGCAC	-13,69	3,03	Hs.324691	EST [Swissprot: none]
110	TGCCTGTGGTC	-13,69	3,03	Hs.313680	EST, Weakly similar to I38022 hypothetic
111	ATGGCAGGTGC	-13,69	3,03	Hs.306839	Homo sapiens cDNA: FLJ22641 fis, clone H
112	GGTGACAGAGC	-13,69	3,03	Hs.303352	EST [Swissprot: none]
113		-13,69	3,03	Hs.198281	pyruvate kinase, muscle [Swissprot:
114	CCGTGGTCGTG	-14,00	2,51	Hs.99853	fibrillarin [Swissprot: sp O95784;sp P2
115	AGCCTGGACTG	-14,00	2,51	Hs.90107	cell membrane glycoprotein, 110000M(r) (
116	GACCCCAAGGC	-14,00	2,51	Hs.82932	cyclin D1 (PRAD1: parathyroid adenomatos
117	CCTATAATCTC	-14,00	2,51	Hs.306489	Homo sapiens mRNA; cDNA

				1
Hs.2055	2,51	-14,00	CCAGCTGCCAA	118
Hs.186547	-	·		119
Hs.173717		Ť		120
Hs.285814	,	·		121
Hs.328416	3,35	-14,93		122
Hs.274547	6,42	-14,93		123
Hs.24395		·		124
Hs.79706	2,86	·		125
Hs.198951	·			126
Hs.81071	3,21			127
Hs.77961	3,21	-18,00		128
Hs.181810	3,21			129
Hs.118064				130
Hs.182485				131
Hs.274579			1	132
Hs.172928	3,56			133
Hs.159263	4,98	-21,15		134
Hs.194397	3,91	-22,00	CTCGTTAAGAG	135
Hs.188757	3,91	-22,00	GTGAAGCCCCG	136
Hs.306750	6 ,6 4	-27,38	GTGAAACCTTG	137
Hs.306777	6,37	-36,00	CGCCTGTAGTC	138
Hs.120980	10,68	-42,31	CCAGGGCAACA	139
6547 3717 5814 8416 4547 4395 9706 8951 1071 7961 1810 8064 2485 4579 2928 9263 4397 8757 6750	Hs.186 Hs.173 Hs.288 Hs.326 Hs.274 Hs.274 Hs.196 Hs.196 Hs.186 Hs.173 Hs.186 Hs.173 Hs.186 Hs.176 Hs.186 Hs.176 Hs.186 Hs.176 Hs.186 Hs.196	2,51 Hs.186 2,51 Hs.173 17,76 Hs.283 3,35 Hs.323 6,42 Hs.274 6,42 Hs.274 4,00 Hs.196 3,21 Hs.197 3,21 Hs.187 3,21 Hs.1187 3,21 Hs.1187 4,32 Hs.183 3,56 Hs.274 3,56 Hs.173 4,98 Hs.153 3,91 Hs.194 3,91 Hs.186 6,64 Hs.306 6,37 Hs.306	-14,00 2,51 Hs.186 -14,00 2,51 Hs.173 -14,52 17,76 Hs.285 -14,93 3,35 Hs.325 -14,93 6,42 Hs.274 -14,93 6,42 Hs.274 -16,00 2,86 Hs.75 -17,42 4,00 Hs.196 -18,00 3,21 Hs.186 -18,00 3,21 Hs.186 -18,00 3,21 Hs.116 -18,67 4,32 Hs.116 -18,67 4,32 Hs.186 -20,00 3,56 Hs.274 -20,00 3,56 Hs.175 -21,15 4,98 Hs.155 -22,00 3,91 Hs.186 -27,38 6,64 Hs.306 -36,00 6,37 Hs.306	CCTATAGTCCC -14,00 2,51 Hs.186 ATGTAGGTGCC -14,00 2,51 Hs.173 TGCCTGTAGTC -14,52 17,76 Hs.283 ACCCCCCCGCC -14,93 3,35 Hs.326 CCTGTGGTCCC -14,93 6,42 Hs.274 AGGCTCCTGGC -14,93 6,42 Hs.24 TTCCAAGGCAG -16,00 2,86 Hs.79 ACCCACGTCAG -17,42 4,00 Hs.196 ACTGCCGCTG -18,00 3,21 Hs.89 CTGACTTGTGT -18,00 3,21 Hs.186 CACCTGTGGTC -18,00 3,21 Hs.118 CGAGGGGCCAG -18,67 4,32 Hs.118 CGAGGGGCCAG -18,67 4,32 Hs.187 CTTTATTCCAG -20,00 3,56 Hs.172 CTCGTTAAGCGG -21,15 4,98 Hs.153 CTCGTTAAGAG -22,00 3,91 Hs.186 GTGAAACCCCG -22,00 3,91 Hs.186 GTGAAACCTTG

Tabelle 2:

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Annotation	Beschreibung
	GAGAATGACAG	9,64	1,49	Hs.99376	ESTs [Swissprot: none]
141	ACAAGAATTGT	9,64	1,49	Hs.80919	synaptophysin-like protein [Swissprot:
142	GGCATTTTAAA	9,64	1,49	Hs.79353	transcription factor Dp-1 [Swissprot: s
143	GATTGTGCAAG	9,64	1,49	Hs.76666	C9orf10 protein [Swissprot: sp O60649;s
	TCTGAATAGCT	9,64		Hs.76136	thioredoxin [Swissprot: sp P10599;]
145	TAATAAAGCAT	9,64	1,49	Hs.4888	seryl-tRNA synthetase [Swissprot: sp P4
146	TAATTACTCTT	9,64	1,49	Hs.44163	13kDa differentiation-associated protein
147	CCACGGGATTC	9,64	1,49	Hs.344027	collagen, type III, alpha 1 (Ehlers- Danl
148	AGCTGGTTTCC	9,64	2,2	Hs.343911	etoposide-induced mRNA [Swissprot: sp O
149	ATGCAGCCGTC	9,64	1,49	Hs.334700	KIAA0833 protein [Swissprot: sp Q8WYI3;
150	ATTAAACTTGG	9,64	1,49	Hs.323908	ESTs, Moderately similar to I37956 zinc
	TGCTACTGGTA	9,64	1,49	Hs.3196	surfeit 1 [Swissprot: sp Q15526;]
152	стттсттств	9,64	1,49	Hs.296014	polymerase (RNA) II (DNA directed) polyp
153	TGGTTTTTGGG	9,64	1,49	Hs.283655	lysophospholipase II [Swissprot: sp O95
154	TTGTGGGATCT	9,64	1,49	Hs.278540	protein phosphatase 3 (formerly 2B), reg
155	TTATTTATGAA	9,64	1,49	Hs.245188	tissue inhibitor of metalloproteinase 3
156	TTGCAATATCA	9,64	1,49	Hs.22350	hypothetical protein LOC56757 [Swisspro
157	TCAACACAGTT	9,64	1,49	Hs.218710	ESTs, Weakly similar to 2004399A chromos
158	GCATAATAGGG	9,64	1,49	Hs.184108	ribosomal protein L21 [Swissprot: sp P4
159	CCATTCTCTTT	9,64	1,49	Hs.18368	SR rich protein [Swissprot: sp Q96Sl3;s
160	AGAATTGTGTG	9,64	1,49	Hs.17250	hypothetical protein MGC4767 [Swissprot
161	GCAAACAATCA	9,64		Hs.155489	NS1-associated protein 1 [Swissprot: sp
162	TTAATAAAAGT	9,64	1,49	Hs.152738	ESTs [Swissprot: none]
	TCCCTGGCATC	9,64	1,49	Hs.129548	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein
	CATACATTGGC	9,64	1,49	Hs.12342	PHD zinc finger protein XAP135 [Swisspr
165	TTGATGTACAG	9,64	1,49	Hs.11482	splicing factor, arginine/serine-rich
166 167	GCACAAGAAGA	9,24	7,7	Hs.289721	growth arrest-specific 5 [Swissprot: no
107	CATTTCATAAC	8,84	1,97	Hs.73851	ATP synthase, H+ transporting, mitochond

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 40

100				· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	1
168	CGATTCTGGAG	8,84	1,97	Hs.177507	hypothetical protein HSPC155 [Swissprot
169	CAGAGATGAAT	8,04	1 75	Hs.8997	heat shock 70kD protein 1A [Swissprot:
170	TTATGTTTAAT	8,04		Hs.79914	lumican [Swissprot: sp P51884;]
171		0,04	1,75	115.79914	
-	TCTGTCAAGAC	8,04	1,75	Hs.76572	ATP synthase, H+ transporting, mitochond
172	i .				mevalonate (diphospho)
	GGGAATAAACC	8,04	3,33	Hs.3828	decarboxylase [S
173	AAAGTGAAGAT	8,04	1,75	Hs.347274	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp762B195 (fr
174			_		complement component 3
	GTTGTCTTTGG	8,04	1,75	Hs.284394	[Swissprot: sp P
175	l I	0.04	4		nucleoporin 153kD [Swissprot:
4=0	GGATAAATGCC	8,04		Hs.211608	sp P49790
	TGAAGTAACAA	8,04	1,75	Hs.150580	putative translation initiation factor
177	1				platelet/endothelial cell adhesion
	CTGAAGGCTGA	7,23	1,52	Hs.78146	molec
178			-		3-hydroxy-3-methylglutaryl-
	TAATACTTTTG	7,23	1,52	Hs.77910	Coenzyme A sy
179			-		proteasome (prosome, macropain)
	GAGCGGGATGG	7,23	1,52	Hs.77060	subunit,
180	GAGGAGGGTGA	7,23	1.52	Hs.75318	tubulin, alpha 1 (testis specific) [Swi
181	AAAATAAACCT	7,23		Hs.74304	periplakin [Swissprot: sp O60437;]
182		1,20	1,02	113.74004	adipose differentiation-related
102	теестеест	7,23	1 52	Hs.3416	protein
183		7,20	1,02	113.0-10	Homo sapiens cDNA: FLJ21210 fis,
.00	TGGAACCTTGC	7,23	1 52	Hs.325093	clone C
184		7,20	1,02	113.020000	benzodiazapine receptor (peripheral)
10-	GAATTTTATAA	7,23	2 89	Hs.202	S
185		1,20	2,00	113.202	RAD23 homolog B (S. cerevisiae)
	GCATATTAAAA	7,23	1 52	Hs.178658	[Swissp
186		1,20	1,02	110.170000	ATP synthase, H+ transporting,
	ACTGGTAAAAA	7,23	1.52	Hs.155751	mitochond
187		,,_0	1,02	110.100101	mannosyl (alpha-1,3-)-glycoprotein
	AAAGAAAGTGG	7,23	1.52	Hs.151513	beta-
188		1,20	1,02	110.101010	CD9 antigen (p24) [Swissprot:
	AAGATTGGTGG	7,23	2.89	Hs.1244	splP21926
189	TCTTAATGAAG	6,83			
190		0,03	∠,08	Hs.173912	eukaryotic translation initiation factor
190	AAAAATAAAGG	675	6 47	Un 455404	ATP synthase, H+ transporting,
191	AAAAA I AAAGG	6,75	0,17	Hs.155101	mitochond
191	CACTACTOTAT	6.40	4.0	Un 0005	(Manual assignment) Elastin (ELN)
400	CAGTACTGTAT	6,43	1,3	Hs.9295	Swiss
192	1	6.40	4.0	Un 00040	cathepsin K (pycnodysostosis)
400	ATAAAAAGAAA	6,43	1,3	Hs.83942	[Swisspro
193	1	0.40		LIA 7507	small fragment nuclease [Swissprot:
404	TCCATCCCTTG	6,43	1,3	Hs.7527	sp
194		. 646	0.50	11- 74040	cytochrome c oxidase subunit VIc
400	AATATGTGGGC	6,43	<u> </u>	Hs.74649	[Swiss
195		6.46		11. 70700	APEX nuclease (multifunctional DNA
40-	AAAATAAAGAG	6,43	1,3	Hs.73722	repai
196		2.4		11. 000 15	RAB5 interacting protein 2
40=	TGTGAAAATAA	6,43	1,3	Hs.62349	[Swissprot:
197	00400047015	2.4		11- 0405	integrin-linked kinase [Swissprot:
400	GGAGGGATCAG	6,43		Hs.6196	sp Q
198	AATAAAGCCTT	6,43	1,3	Hs.3314	selenoprotein P, plasma, 1

199						[Swissprot:
ATAGCCTCTTA	199					
200		ATAGCCTCTTA	6,43	1,3	Hs.279799	
201	200					Human hbc647 mRNA sequence
CTCCAATAAAA		AGGCTTTATGG	6,43	1,3	Hs.24385	[Swissprot:
202 GGAATGAGGGG 6,43 1,3 Hs.156452 EST [Swissprot: none] 203 GCGCAGAGGTT 6,23 4,46 Hs.108124 Indicormal protein S4, X-linked [Swissprot						
203 GCGCAGAGGTT 6,23 4,46 Hs.108124 ribosomal protein S4, X-linked Swisspr Gwisspr Gwiss						
GCGCAGAGGTT 6,23 4,46 Hs.108124 Swisspr diacylglycerol O-acyltransferase diacylglycerol O-acyllan heterogeneous nuclear hotonucleoprotein hypothetical protein L37 Swissprot: splPO0		GGAATGAGGGG	6,43	1,3	Hs.156452	
TCAGACTTTTG						
TCAGACTTTTG		GCGCAGAGGTT	6,23	4,46	Hs.108124	
TAAGTAGCAAA 6,11 5,34 Hs.239625 Swissprot		TCAGACTTTTG	6 1 1	E 24	Un 22420E	
TAAGTAGCAAA 6,11 5,34 Hs.239625 [Swissprot heterogeneous nuclear ribonucleoprotein MGC14156 Swissprot: spi Po PTD008 protein L37 Swissprot: spi PD008 protein L37 Swissprot: spi PD008 protein Swissprot: spi PD0091; spi PD PTD008 protein Swissprot: spi PD0091; spi PD PTD008 protein Swissprot: spi PD0091; spi PD hypothetical protein Swissprot: spi PD00001; spi PD000001; spi PD000001		TCAGACTITIG	0,11	5,34	⊓8.3343U5	
TTAAACCTCAA 5,63 2,95 Hs.170311 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein hypothetical protein MGC14156 Swisspro Swisspro hypothetical protein MGC14156 Swisspro hypothetical protein MGC14156 Swisspro hypothetical protein MGC14156 Swisspro hypothetical protein L37 Swissprot: splP0 PTD008 protein [Swissprot: splP0 PTD00 PTD008 pro	203	TAAGTAGCAAA	6 11	5 3/	He 230625	
TTAAACCTCAA 5,63 2,95 Hs.170311 ribonucleoprotein	206	IAAOIAOOAAA	0,11	3,34	118.238023	
TTGACACTTTC	209	TTAAACCTCAA	5.63	2.95	Hs.170311	ribonucleonrotein
TTGACACTTTC	207	,	0,00	2,00	110.170011	
208		TTGACACTTTC	5,36	2,75	Hs.26136	
CAATAAATGTT 5,26	208					
TTTCTAGGGGT 5,22 1,84 Hs.108969 sp Q9BVl3;sp ribosomal protein S19 Swissprot: sp P3 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586J1922 (f 212 CCTGTAATTCC -5,18 4,33 Hs.317508 ESTs Swissprot: none] amyloid beta precursor protein (cytoplas GTGGCGGCAC -5,39 6,65 Hs.306479 (cytoplas GTGGCGTGTC -5,48 3,99 Hs.152982 Swissprot Swissprot ST, Weakly similar to hypothetical protein Swissprot Sp Q9H4B6;sp Q DKFZP434D146 protein Swissprot Sp Q96 Cytochrome c Swissprot Sp Q96 Cytochrome c Swissprot Sp P00001; Swissprot Sp P00001; Swissprot Sp P00001; Swissprot Sp Q9BT Hs.3063GGGCAC -6,07 7,14 Hs.70202 Sp Q9BT Hypothetical protein FLJ23040 Swissprot Swi		CAATAAATGTT	5,26	18,75	Hs.337445	sp P0
210 CTGGGTTAATA 5,16 37,1 Hs.298262 ribosomal protein S19 Swissprot: sp P3 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586J1922 (f 212 CCTGTAATTCC -5,18 4,33 Hs.317508 ESTs Swissprot: none amyloid beta precursor protein (cytoplas GTGGCGGCAC -5,39 6,65 Hs.306479 Hs.152982 Swissprot Swisspro	209					
CTGGGTTAATA 5,16 37,1 Hs.298262 sp P3		TTTCTAGGGGT	5,22	1,84	Hs.108969	
211	219					
GTGGCTCACAC -5,13 5,53 Hs.138411 DKFZp586J1922 (f 212 CCTGTAATTCC -5,18 4,33 Hs.317508 ESTs [Swissprot: none] amyloid beta precursor protein (cytoplas hypothetical protein FLJ13117 [Swisspro EST, Weakly similar to hypothetical protein [Swisspro EST, Weakly similar to hypothetical protein [Swissprot: sp[Q9H4B6;sp]Q DKFZP434D146 protein [Swissprot: sp[Q9H4B6;sp]Q DKFZP434D146 protein [Swissprot: sp[Q96 Cytochrome c [Swissprot: sp[Q96 Cytochrome c [Swissprot: sp[P00001;] hypothetical protein FLJ13769 [Swissprot: sp[Q9BT Swissprot: sp[Q9BT Swisspr	- 014	CTGGGTTAATA	5,16	37,1	Hs.298262	
212 CCTGTAATTCC -5,18 4,33 Hs.317508 ESTs [Swissprot: none] 213 GTGGTGGGCAC -5,39 6,65 Hs.306479 amyloid beta precursor protein (cytoplas hypothetical protein FLJ13117 214 GTGGCGTGTGC -5,48 3,99 Hs.152982 [Swisspro EST, Weakly similar to hypothetical protein [Swissprot: sp[Q9H4B6;sp]Q 215 CCACTGCACTT -5,6 3,37 Hs.306308 Pro 216 GTGAAGCCCCA -5,6 1,84 Hs.288906 p[Q9H4B6;sp]Q 217 AGCCACCGTGC -5,6 3,37 Hs.240845 sp[Q96 218 GCGAAACCCTG -5,67 7,19 Hs.306376 sp[P00001;] 219 CGCCTGTAATC -5,91 3,65 Hs.287594 [Swisspro 220 GTGGCAGGCGC -6,07 7,14 Hs.70202 Sp[Q9BT 221 hypothetical protein FLJ23040 [Swisspro 222 GAGAAACCCCA -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs [Swissprot: none]	211	CTCCCTCACAC	E 40	F F0		
213 GTGGTGGGCAC -5,39 6,65 Hs.306479 (cytoplas hypothetical protein FLJ13117 (cytoplas hypothetical protein FLJ13117 (Swisspro EST, Weakly similar to hypothetical protein [Swissprot: sp[Q9H4B6;sp]Q DKFZP434D146 protein [Swissprot: sp[Q9H4B6;sp]Q DKFZP434D146 protein [Swissprot: sp[Q9H4B6;sp]Q CGCAAACCCTG -5,67 7,19 Hs.306376 sp[P00001;] hypothetical protein FLJ13769 (Swissprot: sp[Q9BT GTGGCAGGCGC -6,07 7,14 Hs.70202 sp[Q9BT hypothetical protein FLJ23040 (Swissprot: sp[C9GCGGGCAC -6,11 9,72 Hs.343970 (Swissprot: none] Swissprot: none] CSTS [Swissprot: none] CSTS [Swisspro	212					
GTGGTGGCAC -5,39 6,65 Hs.306479 (cytoplas hypothetical protein FLJ13117 GTGGCGTGTGC -5,48 3,99 Hs.152982 [Swisspro EST, Weakly similar to hypothetical protein [Swissprot EST, Weakly similar to hypothetical protein [Swissprot Sp Q9H4B6;sp Q DKFZP434D146 protein [Swissprot Sp Q96 Cytochrome c Swissprot Sp Q96 Cytochrome c Swissprot Sp P00001;] 219 CGCCTGTAATC -5,61 3,65 Hs.287594 Sp Q9BT CGCGGGCAC -6,07 7,14 Hs.70202 Sp Q9BT hypothetical protein FLJ23040 Swissprot Sp C9GCGGGCAC -6,11 9,72 Hs.343970 Swissprot Swissprot Swissprot Swissprot Sp C9BT	212	CCTGTAATTCC	-5,18	4,33	Hs.317508	
214 GTGGCGTGTGC -5,48 3,99 Hs.152982 Swisspro EST, Weakly similar to hypothetical protein FLJ13117 EST, Weakly similar to hypothetical protein [Swissprot: sp Q9H4B6;sp Q DKFZP434D146 protein [Swissprot: sp Q96 Cytochrome c [Swissprot: sp P00001;] Swissprot: sp P00001;] CGCCTGTAATC -5,61 3,65 Hs.287594 Hs.306376 Swissprot Swisspr	213	CTCCTCCCCAC	E 20	0.05	11- 200470	
CACTGCACTT -5,48 3,99 Hs.152982 [Swisspro EST, Weakly similar to hypothetical pro EST, Weakly similar to hypothetical pro WW45 protein Swissprot: sp Q9H4B6;sp Q DKFZP434D146 protein Swissprot: sp Q96 OKFZP434D146 protein Swissprot: sp Q96 Cytochrome c Swissprot: sp P00001; CGCCTGTAATC -5,67 7,19 Hs.306376 Sp P00001; hypothetical protein FLJ13769 Swissprot Sp Q9BT CGCCTGTAATC -6,07 7,14 Hs.70202 Sp Q9BT hypothetical protein FLJ23040 Swissprot Swissprot CGCGGGGCAC -6,11 9,72 Hs.343970 Swissprot Swissp	214	GIGGIGGGCAC	-5,39	0,00	HS.306479	
215 CCACTGCACTT -5,6 3,37 Hs.306308 pro WW45 protein [Swissprot: sp]Q9H4B6;sp]Q WW45 protein [Swissprot: sp]Q9H4B6;sp]Q DKFZP434D146 protein [Swissprot: sp]Q96 OKFZP434D146 protein [Swissprot: sp]Q96 Cytochrome c [Swissprot: sp]P00001;] Protein [Swissprot: sp]P00001;] CGCCTGTAATC -5,67 7,19 Hs.306376 Hs.287594 Swisspro Swissprot CGCCTGTAATC -5,91 3,65 Hs.287594 Swisspro WD repeat domain 10 [Swissprot: sp]Q9BT CGCGGGGCAC -6,07 7,14 Hs.70202 Sp]Q9BT hypothetical protein FLJ23040 Swisspro CGGGGGGCAC -6,11 9,72 Hs.343970 Swissprot Swissprot: none] CGCGGGGCAC -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs [Swissprot: none] CACCTGCACTGTACTC -5,61 9,72 Hs.343970 CGCGGGCAC -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs [Swissprot: none] CACCTGCACTGTACTC -5,67 7,14 Hs.70202 CACCTGCACTGTACTC -5,91 3,65 Hs.287594 CACCTGCACTGTACTC -5,91 4,71	214	GTGGCGTGTGC	-5.48	3 00	He 152092	
CCACTGCACTT	215	01000010100	-0,70	0,00	113.132302	
216 GTGAAGCCCA -5,6 1,84 Hs.288906 Sp[Q9H4B6;sp[Q 217		CCACTGCACTT	-5.6	3.37	Hs.306308	
GTGAAGCCCA -5,6 1,84 Hs.288906 sp Q9H4B6;sp Q	216					
217		GTGAAGCCCCA	-5,6	1,84	Hs.288906	
AGCCACCGTGC -5,6 3,37 Hs.240845 sp Q96 cytochrome c [Swissprot: sp P00001;]	217					DKFZP434D146 protein [Swissprot:
GCGAAACCCTG -5,67 7,19 Hs.306376 sp P00001;] 219		AGCCACCGTGC	-5,6	3,37	Hs.240845	
219	218					
CGCCTGTAATC -5,91 3,65 Hs.287594 [Swisspro WD repeat domain 10 Swissprot: sp Q9BT 221 GTGGCGGCAC -6,11 9,72 Hs.343970 Swisspro 222 GAGAAACCCCA -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs Swissprot: none		GCGAAACCCTG	-5,67	7,19	Hs.306376	
220 WD repeat domain 10 [Swissprot: sp Q9BT	219		5 0.4			
GTGGCAGGCGC -6,07 7,14 Hs.70202 sp Q9BT hypothetical protein FLJ23040 [Swisspro 222 GAGAAACCCCA -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs [Swissprot: none]	220	CGCCTGTAATC	-5,91	3,65	Hs.287594	
221 hypothetical protein FLJ23040 [Swisspro 222 GAGAAACCCCA -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs [Swissprot: none]	220	GTGGCAGGCGC	-6 07	711	He 70202	
GTGGCGGCAC -6,11 9,72 Hs.343970 [Swisspro 222 GAGAAACCCCA -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs [Swissprot: none]	221	C. GGCAGGGGG	-0,07	1,14	118.70202	
222 GAGAAACCCCA -6,22 3,04 Hs.317202 ESTs [Swissprot: none]	22	GTGGCGGGCAC	-6 11	9 72	Hs 343970	
Criticion Contraction Contract	222					
, see the property of the contract of the cont		CAGAAACCCCA	-0,22	3,04	118.317202	
GTGAAATCCTG -6,22 3,04 Hs.306719 kalini	220	GTGAAATCCTG	-6.22	3 ∩4	Hs 306719	
224 KIAA1304 protein [Swissprot:	224			<u> </u>	. 10.0007 10	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
GTGGTGCACAC -6,72 5,37 Hs.343916 sp[Q9H8A3;	1		-6.72	5.37	Hs.343916	
225 EST, Weakly similar to	225					
GTGGCGCACAC -6,84 2,41 Hs.329686 RMS1_HUMAN REGULA			-6,84	2,41	Hs.329686	
caspase 6, apoptosis-related	226					
CCTGCAATCCC -6,84 4,49 Hs.3280 cysteine pr		CCTGCAATCCC	-6,84	4,49	Hs.3280	cysteine pr
core promoter element binding	227	1017015175	[[
AGATGAGATGA -6,84 2,41 Hs.285313 protein [AGATGAGATGA	-6,84	2,41	Hs.285313	protein [

STEGGACGTGC						
CCACTGCACTG	228	1	-6.91	9.68	Hs.306710	Homo sapiens cDNA: FLJ21214 fis, clone C
230 CCTGTAATCCT	229					Homo sapiens cDNA: FLJ21798 fis,
CCTGTAATCCT		CCACTGCACTG	-7,05	3,61	Hs.306812	
231	230	CCTGTAATCCT	7.05	6 91	Us 165054	
AGCACTGCGC	231	CCIGIAAICCI	-7,05	0,01	П5. 100904	
CTTCCTGGCCT	20,	AGCCACTGCGC	-7,47	1,47	Hs.94986	
233	232					
ACCGCCTGTGG			-7,47	1,47	Hs.83623	
234 GCTGATGTGG -7,47 1,47 Hs.75280 Sp P	233		-7.47	1.47	Hs.79625	
GGCTGATGTGG	234		. ,	.,		
CCAGGCACGCT			-7,47	1,47	Hs.75280	
AAAAGAAACTT	235					
STEANACCCCA	226		-7,47	1,47	Hs.54277	
CTTGTAGTCCC	236		7 47	1 17	Uc 217500	
CTTGTAGTCCC	237	GIGAAACGCCA	-1,41	1,47	HS.317309	
238 GGTGAAGACAA -7,47 1,47 Hs.26951 Sp O1	201	CTTGTAGTCCC	-7.47	1.47	Hs.272202	
CCTGTGAGACAA -7,47 1,47 Hs.26951 sp O1	238		.,			
AAAAGAAACTT		GGTGAAGACAA	-7,47	1,47	Hs.26951	
AAAAGAAACTT	239	CCTGTTATCCC	-7,47	1,47	Hs.228142	ESTs [Swissprot: none]
CCTGTGGTCCT				-		
CCTGTGGTCCT			-7,47	1,47	Hs.172182	1
242 GCAAAACCCTA -7,47 1,47 Hs.105399 Sp Q9BV54; solute carrier family 31 (copper transpo nucleolar RNA-associated protein [Swissprot: none] Swissprot: none] Interleukin 14 [Swissprot: sp P40222;] ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacu FBJ murine osteosarcoma viral oncogene h GGGTGAGTTG -8	241	1	7.47	4 47	11- 400700	
GCAAAACCCTA	242		-7,47	1,47	HS.120769	
243 GTGGTGGCGC -7,78 5,36 Hs.136810 Solute carrier family 31 (copper transpo nucleolar RNA-associated protein [Swiss 245 CCTGAAATCCC -8 1,45 Hs.91815 ESTs [Swissprot: none] interleukin 14 [Swissprot: sp P40222;] ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacu FBJ murine osteosarcoma viral oncogene h CTGTACTTGTG -8 1,45 Hs.75678 Protein tyrosine phosphatase, receptor t GACCCGGGAGG -8 1,45 Hs.41974 Hs.41974 GACCCGGGAGG Suite carrier family 31 (copper transpo nucleolar RNA-associated protein [Swissprot: sp P40222;] ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacu FBJ murine osteosarcoma viral oncogene h protein tyrosine phosphatase, receptor t cadherin 13, H-cadherin (heart) [Swissp Homo sapiens, clone IMAGE:4100953, mRNA ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston death-associated protein 6 [Swissprot: N-acetyltransferase, homolog of S. cerev ST, Weakly similar to A47582 B-cell gro GCAAAACCTCA -8 1,45 Hs.317347 Cell gro Cell gro CEST Swissprot: none] Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis, Homo sapiens	242		-7 47	1 47	Hs 105399	
CTTGTAATCCC	243		1,11	1,77	110.10000	
CTTGTAATCCC -7,88 4,19 Hs.183253 [Swiss 245 CCTGAAATCCC -8 1,45 Hs.91815 ESTs [Swissprot: none] 246 GGCTGAGCTCA -8 1,45 Hs.83004 splP40222;] 247 CGCAGTGTCCT -8 1,45 Hs.76159 ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacu 248 CTGTACTTGTG -8 1,45 Hs.75678 ncocgene h 249 GGGTGGGGTTG -8 1,45 Hs.75216 protein tyrosine phosphatase, receptor t 250 GTGGCATATGC -8 1,45 Hs.63984 [Swissp 251 GACCCGGGAGG -8 1,45 Hs.41974 Homo sapiens, clone (MAGE:4100953, mRNA) 252 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 nonhiston (eath-associated protein 6 (Swissprot: nonhiston) 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.333034 escreylr 254 AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 escreylr 255 GCAAAACCTTG -8 1,45		GTGGTGGGCGC	-7,78	5,36	Hs.136810	
245 CCTGAAATCCC -8 1,45 Hs.91815 ESTs [Swissprot: none] 246 GGCTGAGCTCA -8 1,45 Hs.83004 sp]P40222;] 247 ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacu) 248 CTGTACTTGTG -8 1,45 Hs.75678 FBJ murine osteosarcoma viral oncogene h 249 GGGTGGGGTTG -8 1,45 Hs.75216 protein tyrosine phosphatase, receptor t 250 GTGGCATATGC -8 1,45 Hs.63984 [Swissp 251 Homo sapiens, clone IMAGE:4100953, mRNA ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston 252 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 Geath-associated protein 6 [Swissprot: N-acetyltransferase, homolog of S. cerev 254 AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.337347 Cerev 255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 Cell gro 256 GCAAAACCTCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	244	l I				
246 GGCTGAGCTCA			-7,88			
CGCAGTGTCCT	245	CCTGAAATCCC	-8	1,45	Hs.91815	
247 CGCAGTGTCCT -8 1,45 Hs.76159 ATPase, H+ transporting, lysosomal (vacu 248 CTGTACTTGTG -8 1,45 Hs.75678 FBJ murine osteosarcoma viral oncogene h protein tyrosine phosphatase, receptor t 249 GGGTGGGGTTG -8 1,45 Hs.75216 receptor t 250 GTGGCATATGC -8 1,45 Hs.63984 [Swissp 251 GACCCGGGAGG -8 1,45 Hs.41974 Homo sapiens, clone IMAGE:4100953, mRNA 252 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: 254 AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 Proceeds and the protein of the pro	246	1 1		4 45	115 00004	
CGCAGTGTCCT -8 1,45 Hs.76159 (vacu 248 CTGTACTTGTG -8 1,45 Hs.75678 oncogene h 249 GGGTGGGGTTG -8 1,45 Hs.75216 receptor t 250 Cadherin 13, H-cadherin (heart) [Swissp 251 GACCCGGGAGG -8 1,45 Hs.63984 [Swissp 252 Homo sapiens, clone IMAGE:4100953, mRNA ESTs, Highly similar to S02826 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 nonhiston 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: 254 N-acetyltransferase, homolog of S. Cerev EST, Weakly similar to A47582 B- 255 EST, Weakly similar to A47582 B- Cell gro 256 GCAAAACCTCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	2/17	GGCTGAGCTCA	8	1,45	HS.83004	
248 CTGTACTTGTG	241	CGCAGTGTCCT	-8	1 45	Hs 76159	
CTGTACTTGTG -8 1,45 Hs.75678 oncogene h 249 GGGTGGGGTTG -8 1,45 Hs.75216 protein tyrosine phosphatase, receptor t 250 Cadherin 13, H-cadherin (heart) (Swissp 251 Homo sapiens, clone GACCCGGGAGG -8 1,45 Hs.41974 IMAGE:4100953, mRNA 252 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: 254 N-acetyltransferase, homolog of S. AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 cerev 255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	248		<u>~</u>	1,10	11017 0100	
249 GGGTGGGGTTG -8 1,45 Hs.75216 protein tyrosine phosphatase, receptor t 250 GTGGCATATGC -8 1,45 Hs.63984 [Swissp 251 GACCCGGGAGG -8 1,45 Hs.41974 Homo sapiens, clone IMAGE:4100953, mRNA 252 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston death-associated protein 6 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: N-acetyltransferase, homolog of S. cerev 254 AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 EST, Weakly similar to A47582 B-cell gro 255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,			8	1,45	Hs.75678	
250 GTGGCATATGC -8 1,45 Hs.63984 [Swissp Homo sapiens, clone IMAGE:4100953, mRNA ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston death-associated protein 6 [Swissprot: N-acetyltransferase, homolog of S. AGCGGGACCT -8 1,45 Hs.337347 EST, Weakly similar to A47582 B-cell gro EST, Weakly similar to A47582 B-cell gro EST, Weakly similar to A47582 B-cell gro EST, Weakly similar to A47581 FLJ21541 fis, Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis, Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis, Full man sapiens cDNA: FLJ21541 fis, Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis	249	1				
GTGGCATATGC			-8	1,45	Hs.75216	
251	250	l .	•	4 45	LIn 62004	
GACCCGGGAGG -8 1,45 Hs.41974 IMAGE:4100953, mRNA 252 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: 254 N-acetyltransferase, homolog of S. cerev 255 EST, Weakly similar to A47582 B-cell gro 256 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	251	GIGGCATATGC	-8	1,45	⊓S.03984	
252 TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 ESTs, Highly similar to S02826 nonhiston 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: 254 AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 N-acetyltransferase, homolog of S. cerev 255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	201	GACCCGGGAGG	-8	1.45	Hs.41974	
TCTGCTAAAGA -8 1,45 Hs.337757 nonhiston 253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: 254 N-acetyltransferase, homolog of S. cerev 255 EST, Weakly similar to A47582 B-cell gro 256 GCAAAACCTCA -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	252			., 10	. 10.11077	
253 GCCTGGTGACC -8 1,45 Hs.336916 [Swissprot: 254 AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 cerev 255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,			8-	1 <u>,</u> 45	Hs.337757	
254 AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 Cerev 255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 Cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	253			٠.		
AAGCGGGACCT -8 1,45 Hs.333034 cerev 255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,			-8	1,45	Hs.336916	
255 GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	254	1 1	^		 	1 -
GCAAAACCTTG -8 1,45 Hs.317347 cell gro 256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	255		-8	1,45	⊓s.333034	
256 GCAAAACTCCA -8 1,45 Hs.307980 EST [Swissprot: none] 257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	200		_2	1 45	Hs 317347	
257 Homo sapiens cDNA: FLJ21541 fis,	256					
1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1			-0	1,40	1 10.007 800	
		1	-8	1,45	Hs.306784	
					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	

050					Tr
258	GCGAATTCCCG	-8	1.45	Hs.301904	hypothetical protein FLJ12671 [Swisspro
259			······································		KIAA0876 protein [Swissprot:
	AACGCTGCGAA	-8	1,45	Hs.301011	sp O94953;
260					hypothetical gene DKFZp547M072
	ACGGAAGTTTT	8	<u>1,45</u>	Hs.300870	[Swisspr
261	OAAOOTTTOOA		4 45		heat shock 90kD protein 1, alpha
000	GAAGCTTTGCA	-8	1,45	Hs.289088	[Swiss
262	ATCTTCTTACT		1 15	110 007000	fibronectin 1 [Swissprot:
263	ATCTTGTTACT	-8	1,45	Hs.287820	sp[O95608;sp]
	AATAGGGTCAA	-8	1 45	Hs.279518	amyloid beta (A4) precursor-like protein
264	7 11710001074		1,70	113.273310	Homo sapiens cDNA FLJ14085 fis,
	GTGGCAGGCAC	-8	9.4	Hs.278648	clone HE
265			, -		SCO cytochrome oxidase deficient
	GCGGCTTTCCG	-8	1,45	Hs.278431	homolog
266					ESTs, Weakly similar to
	GTGGTATGTGC	-8	1,45	Hs.277102	ALU1_HUMAN ALU S
267					hypothetical protein FLJ20013
	ATCATACCACT	-8	1,45	Hs.272018	[Swisspro
268					integrin, alpha 3 (antigen CD49C,
	GTACTGTAGCA	-8	<u> 1,45</u>	Hs.265829	alpha
269					hypothetical protein FLJ10209
	CTGTCTGTGGC	-8	1,45	Hs.260150	[Swisspro
270	00707007700				ESTs, Weakly similar to A46010 X-
271	CCTGTGGTTCC	8	1,45	Hs.250349	linked
2/1	GCCACCCCACC		4 45	11- 000050	tripartite motif-containing 28
272	GCCAGCCCAGC	-8	1,45	Hs.228059	[Swisspr
2/4	GTGATGGATGG	-8	1 45	Hs.181046	dual specificity phosphatase 3 (vaccinia
273	OTOATOGATOG	-0	1,40	115.101040	KIAA1564 protein [Swissprot:
1	GGCCCCATTGC	-8	1 45	Hs.173421	splQ96F26;
274	ATCTTGGCTCA	-8		Hs.172154	ESTs [Swissprot: none]
275	MOTICOTOR		1,70	113.172134	hypothetical protein FLJ13855
9	GCACCGTAAGA	-8	1 45	Hs.168232	Swisspro
276			.,		(Manual assignment) ARHGDIA,
	тевсстсссе	-8	1.45	Hs.159161	GDIA1 Rho-G
277					collagen, type XVII, alpha 1
	ACCAAGGACAG	-8	1,45	Hs.117938	[Swissprot
278					membrane-spanning 4-domains,
	GTGGTGCGCAC	-8	1,45	Hs.11090	subfamily A
279					KIAA0346 protein [Swissprot:
	GTGCTCAAACC		<u>1,45</u>	Hs.103915	sp O15054;
	GTGGCACGCGC	-8,09	3	Hs.187346	ESTs [Swissprot: none]
281	l i				flavin containing monooxygenase 5
	GTGGCTCACGC	-8,46	7,4	Hs.14286	[Swis
282	l i				Homo sapiens mRNA; cDNA
	TGAGTCTGGCT	-8,71	1,77	Hs.4055	DKFZp564C2063 (f
	GTGAAACGCTG	-8,71	1,77	Hs.316984	EST [Swissprot: none]
284	1	.]]			Homo sapiens mRNA; cDNA
	CCACTGCACTA	-8,71	1,77	Hs.306459	DKFZp761N1323 (f
	GTGGTGCACGC	-8,71	3,3	Hs.286226	myosin IC [Swissprot: sp[O00159;]
286					glucose phosphate isomerase
	ACGCAGGGAGA	-8,71	9,14	Hs.279789	[Swissprot:
287	1				Homo sapiens, clone
201	CCAGAGAACTT	-8,71		Hs.279789	IMAGE:4291796, mRNA,

288					villin 2 (ezrin) [Swissprot:
	AAATAAAAGCT	-8,71	1,77	Hs.155191	sp P15311;
289					Homo sapiens cDNA FLJ11405 fis,
	ATTGCACCACT	-9,13	5,08	Hs.287948	clone HE
290					prothymosin, alpha (gene sequence
	TCAGACGCAGC	-9,13	5,08	Hs.250655	28) [
291	CCTGTGATCCC	-9,54	5,38	Hs.347176	ESTs [Swissprot: none]
292					hypothetical protein RG083M05.2
	TGCCTGTAATC	-9,54	5,38	Hs.21145	[Swissp
293	GGCGACAGAGC	-9,95	2,08	Hs.331070	EST [Swissprot: none]
294	CCACCGCACTC	-9,95	3,91	Hs.325292	EST [Swissprot: none]
295	·				Homo sapiens mRNA; cDNA
	CCTGTAGTTCC	-9,95	3,91	Hs.319576	DKFZp434A202 (fr
296	GTGAAGCCCTG	-9,95	2,08	Hs.316933	EST [Swissprot: none]
297	GTAAAACCCCG	-9,95	3,91	Hs.304033	ESTs [Swissprot: none]
298	CCTGTAACCCC	-9,95	3,91	Hs.201262	ninjurin 2 [Swissprot: sp Q9NZG7;]
299	CCCCGCCAAGT	-9,95	2,08	Hs.169718	calponin 2 [Swissprot: sp Q99439;]
300					hepatocyte growth factor-regulated
	CCATTGCACTG	-9,95	2.08	Hs.142457	tyros

Tabelle 3:

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Annotation	Beschreibung
301	TAGGTTGTCTA	5,06	43,6	Hs.279860	tumor protein, translationally- controlle
302	TTTGGAATGTT	4,82	1,63	Hs.78825	matrin 3 [Swissprot: sp P43243;sp Q9H4N
303	TTGGAGATCTC	4,82	5,75	Hs.50098	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha
304	GAAGTTATGAA	4,82	1,63	Hs.4112	t-complex 1 [Swissprot: sp[P17987;]
305	AGTCTGATGTT	4,82	3,04	Hs.182470	ESTs [Swissprot: none]
306	GCGACAGCTCC	4,5	3,34	Hs.184582	ribosomal protein L24 [Swissprot: sp P3
307	AGAACCTTCCA	4,5	3,34	Hs.181165	eukaryotic translation elongation factor
308	TTCACAGATTT	4,42	1,43	Hs.8107	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586B0918 (f
309	CGGTTACTGTG	4,42	1,43	Hs.49767	NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-S pro
310	CCACAGGGGAT	4,42	1,43	Hs.344027	collagen, type III, alpha 1 (Ehlers- Danl
311	GGAATAAATTA	4,42	1,43	Hs.289271	cytochrome c-1 [Swissprot: sp P08574;]
312	GTAAGATTAGC	4,42	1,43	Hs.250705	Homo sapiens, clone MGC:17921 IMAGE:3914
313	AAGAATCTGAA	4,42	1,43	Hs.183435	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta s
314	TAAAAAAAAA	4,36	4,32	Hs.244621	ribosomal protein S14 [Swissprot: none]
315	GAAATGATGAG	4,29	1,96	Hs.288856	prefoldin 5 [Swissprot: sp]Q99471;sp Q9
316	ATGTGAAGAGT	4,08	6,81	Hs.111779	secreted protein, acidic, cysteine-rich
317	CCACTCCTCAA	4,02	1,77	Hs.82890	defender against cell death 1 [Swisspro
318	AGGGAGCAGAG	4,02	1,77	Hs.296049	mlcrofibrillar-associated protein 4 [Sw
319	AAAAAACCCAA	4,02	1,77	Hs.111680	endosulfine alpha [Swissprot: sp O43768
320	GTGAAGGCAGT	3,98	10,21	Hs.77039	ribosomal protein S3A [Swissprot: sp P4
321	CTTCCTTGCCT	3,92	4,06	Hs.2785	keratin 17 [Swissprot: sp Q04695;sp Q14
	0,0001	3,92	4,06	Hs.117005	sialic acid binding Ig-like lectin 5 [S
323	GAGGGAGTTTC	3,91	23,54	Hs.76064	ribosomal protein L27a [Swissprot: sp P
324	GGCCACGTAGC	3,88	13,24	Hs.155597	(Manual assignment) Adipsin, major tag [
325	GCTTGGATCTC	3,82		Hs.250723	ESTs, Weakly similar to N-WASP [Swisspr
326	TGCACTTCAAG	3,75	1,58	Hs.75445	SPARC-like 1 (mast9, hevin) [Swissprot:
327	CCCTACCCTGT	3,72	3,7	Hs.75736	apolipoprotein D [Swissprot: sp P05090;
328	TGTGATCAGAC	3,66	4,01	Hs.107476	ATP synthase, H+ transporting, mitochond

ATAATTCTTTG 3,63 18,92 Hs.539 sp P3 heterogeneous nuclear ribonucleoprotein hopothetical protein LRP15 Swissprot: glutatione peroxidase 4 (phospholipid gap junction protein, alpha 1, 43kD (con homo sapiens, clone homo sapiens converting homo sapiens converting homo sapiens converting homo sapiens converting hom	329					ribosomal protein S29 [Swissprot:
TGTAATCAATA 3,62 2,73 Hs.249495 ribonudeoprotein Topothetical protein LRP15 Swissprot: glutathione peroxidase 4 (phospholipid h gap junction protein, alpha 1, 43kD (con 334 48,16773 MAGE-4103364, mRNA MAGE-4103364, mRNA Solute carrier family 25 (mitochondrial arrival) Swissprot: spiP493 Swisspro		l l	3,63	18,92	Hs.539	spiP3
GAAAAAAAAA 3.56 3.04 Hs.93967 Swissprot: glutathione peroxidase 4 (phospholipid h gap junction protein, alpha 1, 43kD (concordinate) 4	330	TGTAATCAATA	3,62	2,73	Hs.249495	
332 GCCTGCTGGGC 3,56 3,04 Hs.2706 (phospholipid h gap junction protein, alpha 1, 43kD (con	331	1	3 56	3 ∩4	He 93967	
GCCTGCTGGGC 3,56 3,04 Hs.2706 (phospholipid h gap junction protein, alpha 1, 43kD (con Homo sapiens, clone Homo sapien	332	5/0000000	0,00	0,0-1	110.00007	
333 Gardagard 3,48 3,48 1,4 Hs.16773 Homo sapiens, clone IMAGE:4103364, mRNA Sopre Mage		GCCTGCTGGGC	3,56	3,04	Hs.2706	
Homo sapiens, clone IMAGE-1/10364, mRNA MAGE-1/10364, mRNA MAGE-1/10364, mRNA MAGE-1/10364, mRNA MAGE-1/10364, mRNA Solute carrier family 25 (mitochondrial fatty acid synthase [Swissprot: splP493 Maminin receptor 1 (67kD, ribosomal prot art Psynthase, H+ transporting, mitochond MAGE-1/10364, mRNA Matter	333					
GGCTGAGAATG 3,48			3,54	5,99	Hs.74471	
GGTGAGACACT 3,48 2,55 Hs.164280 (mitochondrial fatty acid synthase [Swissprot: spl/e493] 337 GAAAAATGGTT 3,48 1,4 Hs.11050 spl/e493 laminin receptor 1 (67kD, ribosomal prot approt and prot approt approt approt approt approt approt approt approved and prot approved approved and prot approved approved and prot approved and prot approved and prot approved and prot approved approved appro	334		3,48	1,4	Hs.16773	
336	335		3.48	2.55	Hs.164280	
TTTGGTGTTTG	336		5,.5	,		
GAAAAATGGTT 3,45 11,24 Hs.334822 prot ATP synthase, H+ transporting, mitochond hypothetical protein FLJ10134 [Swissprot 1 alpha silt homolog 3 (Drosophila) [Swissprot ribosomal protein S15a [Swissprot: splP			3,48	1,4	Hs.11050	sp P493
338 GGAATGTACGT 3,44 2,87 Hs.429 ATP synthase, H+ transporting, mitrochond hypothetical protein FLJ10134 Swisspro hypothetical protein FLJ10134 hypothetical protein S15a hypothetical p	337					
GGAATGTACGT 3,44 2,87 Hs.429 mitochond hypothetical protein FLJ10134 [Swisspro NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha slit homolog 3 (Drosophila) Swissprot Swiss			3,45	11,24	Hs.334822	
336	338	l I	2 44	0.07	11- 400	
GAATTATACTT 3,44 2,87 Hs.104800 Swisspro NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha	330		3,44	2,87	HS.429	
340 CAATGTGTTAT 3,42 1,73 Hs.74823 NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha 341 141 142 143 143 143 143 143 144	338	1	3 44	287	Hs 104800	
CAATGTGTTAT 3,42 1,73 Hs.74823 1 alpha slit homolog 3 (Drosophila) Swissprot: mibosomal protein S15a [Swissprot: sp P eukaryotic translation elongation factor fact	340		0,	2,01	110.10-1000	
341 ACTACCATAAC 3,38 2,06 Hs.57929 Slit homolog 3 (Drosophila) Swissprot: ribosomal protein S15a Swissprot: sp P eukaryotic translation elongation factor CD74 antigen (invariant polypeptide of m major histocompatibility complex, class S100 calcium binding protein A2 Swissprot: sp P eukaryotic translation elongation factor CD74 antigen (invariant polypeptide of m major histocompatibility complex, class S100 calcium binding protein A2 Swissp Since the state of the since the since the state of the since the sinc		1	3,42	1,73	Hs.74823	
ACTACCATAAC 3,38 2,06 Hs.57929 [Swissprot: ribosomal protein S15a Swissprot: splP Sharper Recommendation Re	341					
GACTCTGGTGC 3,35 2,38 Hs.343665 sp P eukaryotic translation elongation factor CD74 antigen (invariant polypeptide of m major histocompatibility complex, class S100 calcium binding protein A2 Swissp Si00 calcium binding protein A2 Si00 calcium binding protein Si Swissprot: sp P4 Si00 calcium binding protein A14 Si00 calcium binding protein A14 Si00 calcium binding protein Si Swissprot: sp P4 Si00 calcium binding protein Si Swissprot: sp P9 Si00 calcium binding protein Si Swissprot: sp P9 Si00 calcium binding protein A2 Si00 calcium binding protein A2 Swissprot: sp P9 Si00 calcium binding protein A2 Si00 calcium binding protein A2 Swissprot: sp P9 Si00 calcium binding protein A2 Si00 c			3,38	2,06	Hs.57929	
Substract Subs	342	1 1				
GCATTTAAATA 3,35			3,35	2,38	Hs.343665	
344 GTTCACATTAG 3,21 9,17 Hs.84298 Of m major histocompatibility complex, class S100 calcium binding protein A2 Swissprot: sp P4 S100-type calcium binding protein A14 Sp Q9B STS, Weakly similar to 1504251A Sp Q9B STS, Weakly similar to 1504251A Sp Q94925;] SSS	343	1	2 25	4 44	Un 075050	
STTCACATTAG 3,21 9,17 Hs.84298 of m major histocompatibility complex, class S100 calcium binding protein A2 S100 calcium binding protein S100 calcium binding protein A2 S100 calcium binding protein S210 calcium binding protein S210 calcium binding protein S210 calcium binding protein A2 S100 calcium binding protein S210 calcium binding protein S210 calcium binding protein S210 calcium binding protein A2 S100 calcium binding protein S210 calcium binding protein S210 calcium binding protein A2 S100 calcium binding protein S210 cal	344		3,33	4,41	⊓S.275959	
345 CTGACCTGTGT 3,21 3,15 Hs.77961 Major histocompatibility complex, class S100 calcium binding protein A2 Swissp Phosphoglycerate mutase 1 (brain) Swis Swissp Phosphoglycerate mutase 1 (brain) Swis Size	J-7-	1	3.21	9.17	Hs 84298	
CTGACCTGTGT 3,21 3,15 Hs.77961 class S100 calcium binding protein A2 [Swissp S100 calcium binding protein S2 S100 calcium binding protein A2 [Swissprot: sp P4 S100 calcium binding protein S2 S100 calcium binding protein A2 S2 S2 S2 S2 S2 S2 S2	345			0,11	110.0 1200	
346 GATCTCTTGGG 3,21 1,55 Hs.38991 S100 calcium binding protein A2 [Swissp phosphoglycerate mutase 1 (brain) Swis Signature Signature Swissprot Spip Signature		CTGACCTGTGT	3,21	3,15	Hs.77961	
347 GGTCCAGTGTT 3,21 2,52 Hs.181013 Swis Swi	346					
GGTCCAGTGTT 3,21 2,52 Hs.181013 Swis Swis Swissprot: Swissprot: Sp P4 St00-type calcium binding protein A14 St00-type calcium bindin			3,21	1,55	Hs.38991	
348 GCATAATAGGT 3,09 16,27 Hs.184108 Sp P4 349 TGGGGAGAGGA 3,07 3,44 Hs.288998 A14 S100-type calcium binding protein 350	347	1				
GCATAATAGGT 3,09 16,27 Hs.184108 sp P4 S100-type calcium binding protein A14 ribosomal protein S8 Swissprot: sp Q9B STs, Weakly similar to 1504251A sphingo STs, Weakly similar to 1504251A sphingo Sts, Weakly similar to 1504251A Sts, Weakly similar to 1504251A Sphingo Sphing	046		3,21	2,52	Hs.181013	<u> </u>
349 TGGGGAGAGGA 3,07 3,44 Hs.288998 A14	340	1	3 00	16 27	LIG 101100	
TGGGGAGAGGA 3,07 3,44 Hs.288998 A14 [350 TAATAAAGGTG 3,07 13,63 Hs.151604 sp Q9B 351 AGTCTGCTGGG 3,05 1,71 Hs.259508 sphingo 352 TCAGATCTTTG 3,03 19,99 Hs.108124 [Swisspr 353 AGAATTGCTTG -3,11 1,85 Hs.239189 glutaminase [Swissprot: sp O94925;] 354 GTAAAACCCCA -3,11 1,33 Hs.18955 clone L 355 CATCTTCACCA -3,11 1,33 Hs.113029 ribosomal protein S25 [Swissprot: sp P2 356 CCTCGGAAAAT -3,24 1,71 Hs.2017 sp P2	349		3,08	10,27	HS.104100	
350	"		3.07	3.44	Hs.288998	
TAATAAAGGTG 3,07 13,63 Hs.151604 sp Q9B	350		-,	-,		
AGTCTGCTGGG 3,05 1,71 Hs.259508 sphingo TCAGATCTTTG 3,03 19,99 Hs.108124 [Swisspr 353		TAATAAAGGTG	3,07	13,63	Hs.151604	
352 TCAGATCTTG 3,03 19,99 Hs.108124 [Swisspr 353 GTAAAACCCCA -3,11 1,33 Hs.18955 Sp O94925;] 354 GTAAAACCCCA -3,11 1,33 Hs.18955 Homo sapiens cDNA: FLJ23111 fis, clone L ribosomal protein S25 Swissprot: sp P2 ribosomal protein L38 ribosomal p	351					ESTs, Weakly similar to 1504251A
TCAGATCTTG 3,03 19,99 Hs.108124 [Swisspr glutaminase [Swissprot: sp O94925;] 353 AGAATTGCTTG -3,11 1,85 Hs.239189 glutaminase [Swissprot: sp O94925;] 354 GTAAAACCCCA -3,11 1,33 Hs.18955 clone L 355 CATCTTCACCA -3,11 1,33 Hs.113029 sp P2 356 CCTCGGAAAAT -3,24 1,71 Hs.2017 sp P2			3,05	1,71	Hs.259508	
353 GAAATTGCTTG -3,11 1,85 Hs.239189 GIutaminase [Swissprot: sp O94925;] 354 Homo sapiens cDNA: FLJ23111 fis, clone L ribosomal protein S25 [Swissprot: sp P2 356 CCTCGGAAAAT -3,24 1,71 Hs.2017 Sp P2 Sp P2 Tibosomal protein L38 [Swissprot: sp P2 Tibosomal pro	352		0.00	40.00	11- 400404	
AGAATTGCTTG -3,11 1,85 Hs.239189 sp O94925;] 354 GTAAAACCCCA -3,11 1,33 Hs.18955 clone L 355 CATCTTCACCA -3,11 1,33 Hs.113029 ribosomal protein S25 [Swissprot: sp P2 356 CCTCGGAAAAT -3,24 1,71 Hs.2017 sp P2	250		3,03	19,99	HS.108124	
354 Homo sapiens cDNA: FLJ23111 fis, clone L ribosomal protein S25 [Swissprot: sp P2 356 CCTCGGAAAAT -3,24 1,71 Hs.2017 Hs.2017 Sp P2 Sp	353	1	_2 11	1 25	He 230180	
GTAAAACCCCA -3,11 1,33 Hs.18955 clone L 355 CATCTTCACCA -3,11 1,33 Hs.113029 ribosomal protein S25 [Swissprot: sp P2 356 CCTCGGAAAAT -3,24 1,71 Hs.2017 sp P2	354		-0,11	1,00	1 13.203 108	
355 CATCTTCACCA		l I	-3.11	1.33	Hs.18955	
CATCTTCACCA	355			.,,,,,		
356 CCTCGGAAAAT -3,24 1,71 Hs.2017 ribosomal protein L38 [Swissprot: sp P2		CATCTTCACCA	<u>-3,1</u> 1	1,33	Hs.113029	
0.57	356	l I				ribosomal protein L38 [Swissprot:
35/CACGCAATGCT -3,42 1,56 Hs.21907 ESTs, Weakly similar to T33068						
	357	CACGCAATGCT	-3,42	1,56	Hs.21907	ESTs, Weakly similar to T33068

					hypotheti
358					Homo sapiens cDNA: FLJ20895 fis,
330	GTGAAACTCCG	-3,53	231	Hs.285737	clone A
359	010/4/401000	-0,00	2,01	113.200101	mitochondrial ribosomal protein
339	GTGAAACCTCG	-3,53	2 31	Hs.274417	S18B S
360			_		
	GTGGCACACGC	-3,56	2,07	Hs.192023	eukaryotic translation initiation factor
361	CCTTCGAGATC	-3,73	4,68	Hs.76194	ribosomal protein S5 [Swissprot: sp P46
362	ATGGCAACAGA	-3,73	1,42	Hs.149609	aquaporin 1 (channel-forming integral pr
363	ATCGCACCACT	-3,73	1 42	Hs.142569	Homo sapiens cDNA FLJ31180 fis, clone KI
364		- 0,, 0	·, ·—		Homo sapiens, Similar to major
	TGCAGCACGAG	-3,73	1.81	Hs.110309	histocomp
365		- 5,1.0	.,		Homo sapiens cDNA FLJ12009 fis,
	GCGAAACCCCA	-3,92	. 5.5	Hs.287478	clone HE
366					hypothetical protein FLJ11126
	ATGAAACCCCG	-4,04	2.06	Hs.226396	[Swisspro
367					polymerase (DNA directed) kappa
	GTGAGACCCTG	-4,04	2.06	Hs.159346	[Swissp
368		.,,-,	_,		phosphodiesterase 6B, cGMP-
	AGCCACCACGC	-4,15	1,68	Hs.2593	specific, rod
369					cat eye syndrome chromosome
	AGCCACCACAC	-4,15	1.68	Hs.170310	region, cand
370		.,	.,		lamin A/C [Swissprot:
	GGAGGGGGCTT	-4,36	3.29	Hs.77886	sp P02545;sp Q969
371					Homo sapiens cDNA: FLJ23253 fis,
1	GTGGCACGCAC	-4,36	2,31	Hs.296769	clone C
372			<i>!-</i>		activator of S-phase kinase-like
'	CTACTGCACTC	-4,36	2,31	Hs.288623	protein
373				-	Homo sapiens, clone
	GTGAAACTCCA	-4,48	2,93	Hs.140002	IMAGE:3543670, mRNA,
374					Homo saplens cDNA: FLJ21331 fis,
	GTGAAACCCCC	-4,51	4,49	Hs.282108	clone C
375					mitochondrial ribosomal protein 63
	CCGCTGCACTC	-4,56	1,94	Hs.182695	[Swi
376	TTTGGGCCTAA	-4,56		Hs.17409	cysteine-rich protein 1 (intestinal) [S
377		,,,,,,	.,- •		Homo sapiens, clone MGC:12257
••••	GTGAAACCCTA	-4,67	2.57	Hs.326711	IMAGE:3950
378	TCTGTAATCCC	-4,77		Hs.142	sulfotransferase family, cytosolic, 1A,
379		7,11	0,0	13.172	prostatic binding protein [Swissprot:
5,3	GGTGAGACCTG	-4,98	1 56	Hs.80423	s
380		-7,00	1,00	1 10.00420	heat shock 27kD protein 1
	CCCAAGCTAGC	-4,98	5.86	Hs.76067	[Swissprot: s
381			0,00	1 13.7 0007	JM11 protein [Swissprot:
301	CCCGGCTAATT	-4,98	1 56	Hs.325116	sp Q96HB5;sp Q
382		7,50	1,00	113.020110	chromosome 1 open reading frame
302	ATGAAACCCCA	-4,98	283	Hs.241392	29 [Swi
383		-7,50	2,00	1 13.2-7 1002	parathymosin [Swissprot:
	TCCTGCCCCAT	-4,98	2 21	Hs.171814	sp P20962;sp Q
384		-1,50	ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ ـ	110.17 10 14	Homo sapiens cDNA: FLJ23014 fis,
	CCAGCCTGGGC	-4,98	1 56	Hs.137613	clone L
L	1 - 37 (000)	-1,00	1,00	1.10.107010	TOIOLIO F

Tabelle 4:

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Annotation	Beschreibung
385	GCCTCCTCCCA	2,95	1,87	Hs.283781	muscle specific gene [Swissprot: sp Q96
386	TAAACTGTTTC	2,95	1,87	Hs.244621	ribosomal protein S14 [Swissprot: none]
387	TTCAATAAAAA	2,89	11,94	Hs.177592	ribosomal proteln, large, P1 [Swissprot
388	ATTATTTTTCT	2,89	1,55	Hs.153	ribosomal protein L7 [Swissprot: sp P18
389	<u> GGGCTGGGGTC</u>	2,79	12,91	Hs.183698	ribosomal protein L29 [Swissprot: sp P4
390 391	CAGGTTTCATA	2,78	7,99	Hs.24395	small inducible cytokine subfamily B
391	TTGGCAGCCCA	2,77	2,34	Hs.76064	ribosomal protein L27a [Swissprot: splP
393	TTAACCCCTCC	2,71	3,72	Hs.78224	ribonuclease, RNase A family, 1 (pancrea
394	CTCATAGCAGT	2,71	2,03	Hs.279860	tumor protein, translationally- controlle
	CACTTGCCCTA	2,71		Hs.15977	NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta s
396	GCCCCCAATAA GCCTTCCAATA	2,64 2,61		Hs.227751 Hs.76053	lectin, galactoside-binding, soluble, 1 DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypep
397		2,6		Hs.342389	peptidylprolyl isomerase A (cyclophilin
398		2,59		Hs.119598	ribosomal protein L3 [Swissprot: splP39
399	AGCACCTCCAG	2,54		Hs.75309	eukaryotic translation elongation factor
400	CAGCTATTTCA	2,53	1,56	Hs.153179	fatty acid binding protein 5 (psoriasis-
401	CATATCATTAA	2,53	2,67	Hs.119206	insulin-like growth factor binding prote
402	AGGAAAGCTGC	2,52	5,37	Hs.343443	ribosomal protein L36 [Swissprot: sp Q9
403	GAGATAAATGA	2,52	2,98	Hs.3185	lymphocyte antigen 6 complex, locus D [
404	AGAAAGATGTC	2,5	1,89	Hs.78225	annexin A1 [Swissprot: sp P04083;] (Manual assignment) MEMOREC
408	AATCTTGTTTC	2,32	7,72	Hs.32343	NSkin2, new (Manual assignment) FLG
407	GAGAGCTAACT	2,28	1,95	Hs.73995	Profilaggrin (fi major histocompatibility complex,
408	GGGCATCTCTT	2,25	2,92	Hs.76807	class ESTs, Highly similar to 40S
409	CTGTTGGTGAT	2,21	2,79	Hs.3463	RIBOSOMAL PR matrix metalloproteinase 2
410	GGAAATGTCAA	2,12	1,86	Hs.111301	(gelatinase A apolipoprotein E [Swissprot:
411	CGACCCCACGC	2,1	1,71	Hs.169401	sp[P02649; major histocompatibility complex,
412	GTGCACTGAGC	2,05	1,39	Hs.181244	class ribosomal protein L12 [Swissprot:
	ACATCATCGAT	2		Hs.182979	splP3
410	GTTGTGGTTAA	1,96	6,24	Hs.75415	beta-2-microglobulin [Swissprot:

					sp P01
414	TCACAAGCAAA	1,94	1,3	Hs.32916	nascent-polypeptide-associated complex a
415	AGGGCTTCCAA	1,93	4,42	Hs.29797	ribosomal protein L10 [Swissprot: sp P2
416	CCCTGGGTTCT	-2	1,73	Hs.111334	ferritin, light polypeptide [Swissprot:
417	AGCAGATCAGG	-2,11	2,66	Hs.119301	S100 calcium binding protein A10 (annexi
418	AAGGTGGAGGA	-2,12	4,74	Hs.163593	ribosomal protein L18a [Swissprot: sp Q
419	ACCAAAAACCA	-2,22	1,83	Hs.172928	collagen, type I, alpha 1 [Swissprot: s
420	CTAGCCTCACG	-2,49	2,24	Hs.14376	actin, gamma 1 [Swissprot: sp P02571;sp
421	AGAATCACTTG	-2,67	1,56	Hs.306687	Homo sapiens cDNA: FLJ20900 fis, clone A
422	GTTCCCTGGCC	-2,77	2,06	Hs.177415	(Manual assignment) FAU, ub-like protein
423	CCCGTCCGGAA	-2,98	7,52	Hs.180842	ribosomal protein L13 [Swissprot: sp P2

Tabelle 5:

Ni	r.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Face/ CGAP	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient (Face/ Breast) / (Face/ CGAP)
42	24.							(Manual	CGAF)
								assignment)	
			0.04					MEMOREC	
4	25.	TAATAAATGCT	8,04	1,24	2,34	1,32	Hs.118463	GS2L1 putati	3,44
~	20.	CACTGCATAT					-	phosphorylase kinase, gamma	,
		G	8,04	1,24	2,54	1,47	Hs.196177	2 (testis)	3,17
42	26.	_						protein tyrosine	
		GGGAGTAATA	0.04	4.04	0.54	4 47		phosphatase,	
1	27.	G	8,04	1,24	2,54	1,47	Hs.26045	receptor t	3,17
74	۷,			,				CSR1 protein [Swissprot:	
		TAACTCTCCT						sp Q9UM15;sp	
		G	8,04	1,24	2,62	1,52	Hs.128856	Q	3,07
42	28.	0000111010						similar to yeast	
		CCGGAAACAC	8,04	1,24	2,65	154	Hs.288013	BET3 (S. cerevisiae) [3,03
42	29.	1	0,04	1,24	2,00	1,04	FIS.2000 3	hypothetical	3,03
								protein	
1		GCGAGTCTCC						DKFZp762M136	
<u> </u>	20	G	8,04	1,24	2,67	1,56	Hs.351747		3,01
4	30.	TCAAAAAAAG					·	capping protein (actin filament)	
		A	8,04	1,24	2,7	1,58	Hs.184270	muscle	2,98
43	31.					.,,,,,,		vacuolar protein	2,00
		TGGAGAAAGA						sorting 29	
-	20	Α	8,04	1,24	2,73	1,6	Hs.69192	(yeast) [Sw	2,95
4	32.							transformer-2	
		CTGTATTTGAA	8,04	1,24	2,76	1.62	Hs.24937	alpha (htra-2 alpha) [Swi	2,91
43	33.		,		,	,,,		squalene	2,01
								epoxidase	,
		CAAATAAAAT	0.04	4.04	0.05	4.04		[Swissprot:	
4	34.	G .	8,04	1,24	3,05	1,81	Hs.71465	sp Q1453	2,64
	J-T.							hypothetical protein	
		GAAATTTGAA	:			·	-	FLJ20519	
		A	8,04	1,24	3,05	1,81	Hs.79457	[Swisspro	2,64
43	35.	0000011000						cold inducible	
		GGGCCAACCC	8,04	1,24	3,16	107	He 140475	RNA binding	3.54
4:	36.	 	0,04	1,44	3,10	1,0/	Hs.119475	protein [Swi cation-chloride	2,54
"		AATAAAAGAC			Î			cotransporter-	- "
		С	8,04	1,24	3,28	1,95	Hs.119178	interactin	2,45
4:	37.							guanylate	
		AATGAGCAAC T	0.04	4 24	2 20	105	11- 474000	binding protein	A 45
4	38.		8,04	1,24	3,28	1,95	⊓s.1/1862	2, interferon- monoamine	2,45
-1	J.,	TCTGAAGTTT						oxidase A	
		G	8,04	1,24	3,32	1,97	Hs.183109		2,42

·							sp P213	
439.							PC326 protein	
700.							[Swissprot:	
	TTTGTTGCTTT	8,04	1,24	3,4	2,02	Hs.279882		2,36
440.							aspartyl-tRNA	
	GAAAATTAAC	i		1			synthetase	
	lc l	8,04	1,24	3,4	2,02	Hs.80758	[Swissprot: sp	2,36
441.							HIV-1 Tat	
	GGGAGGATTA		-				interactive	
	Α	8,04	1,24	3,45	2,05	Hs.90753	protein 2, 30 kD	2,33
442.		ľ					hypothetical	
		- 1	1				protein	
	AGGAACTGTA	Ţ.					FLJ20005	
	G	8,04	1,24	3,59	2,13	Hs.184634		2,24
443.							3-hydroxy-3-	
	TCATAGTTCA					l	methylglutaryl-	
	G.	8,04	1,24	3,64	2,15	Hs.77910	Coenzyme A sy	2,21
444.							tweety homolog	
	CGGCCTCACC					07007	2 (Drosophila)	A 4-
	Т	8,04	1,24	3,8	2,24	Hs.27935	[Swisspro	2,12
445.							SEC63 protein	
	CAAAGGAAGC			446	0.40	He 24575	[Swissprot:	4.00
-442		8,04	1,24	4,16	2,42	Hs.31575	sp Q9P164;sp	1,93
446.						_	cyclin L ania-6a	
	TOTA 4 4 C 4 TTT	0.04	4.04	440	0.40	115 4050	[Swissprot:	4.02
447	TGTAAAGATTT	8,04	1,24	4,16	2,42	Hs.4859	sp Q9NZF3;	1,93
447.						,	hypothetical	
							protein MGC14859	
	CTACAATAAAT	8,04	1,24	4,3	2 40	Hs.57100	[Swisspro	1,87
440	CTACAATAAAT	0,04	1,24	4,3	2,49	ПS.57 100	hypothetical	1,07
448.							protein hCLA-iso	
	TGTTTAATACA	8,04	1,24	4,44	2 56	Hs.143601		1,81
449.	IGITIAATAOA	0,04	1,44	7,77	2,00	113.140001	Homo sapiens	1,01
443.							mRNA; cDNA	
							DKFZp564O012	
	ATTGCTGTAAT	8,04	1,24	4,44	2.56	Hs.22370	2 (f	1,81
450.	7.1.1.001.01.7.0.1	0,0 .		1,1.1			KIAA0625	., .,
							protein	
	GATTAGAGGT						[Swissprot:	
	T	8,04	1,24	5,35	2,94	Hs.154919	sp O75120;	1,50
451.					•		calpain 3, (p94)	
	TGTATGGCTG						[Swissprot:	
	G	8,04	1,24	5,58	3,03	Hs.40300	sp P20807;	1,44
452.							WW domain-	4
							containing	
							adapter with a	
·	TTAAAACAAAA	8,04	1,24	5,82	3,12	Hs.70333	coil	1,38
453.							phosphatidic	
. ~							acid	-
	CACATCCTTA					1	phosphatase	
	С	8,04	1,24	7,08	3,54	Hs.173717		1,14
454.]				signal	
							transduction	
	ACGCGCCAGG			1	_	1	protein (SH3	
	C	8,04	1,24	7,08	3,54	Hs.24587	contain	1,14
455.	GAGACTGCAA					ļ	solute carrier	
	T	8,04	1,24	7,28	26	Hs.5944	family 11	1,10

							(proton-coupled	
456.							lysyl oxidase	
							[Swissprot:	٠
	TATGTATTTCT	8,04	1,24	7,49	3,66	Hs.102267	sp P28300;]	1,07
457.							Homo sapiens	
		- 1					mRNA; cDNA	
	ATTTGAATAAA	8,04	1,24	7 71	2 72	Un 112402	DKFZp564D036	1.04
458.	ATTIGAATAAA	0,04	1,24	7,71	3,12	Hs.112493	replication factor	1,04
400.							C (activator 1) 2	
	TTGATAAATAA	8,04	1,24	7,71	3,72	Hs.74561	(40	1,04
459.							ÈSTs	
	TGGTGTTTTG						[Swissprot:	
	G	8,04	1,24	9,36	4,13	Hs.13234	none]	0,86
460.							galanin	
	CGCACAATCA	0.04	4.04		404		[Swissprot:	
464	Τ	8,04	1,24	9,7	4,21	Hs.1907	sp[P22466;]	0,83
461.	CTGTCACCCT	ŀ					Small proline- rich protein	
	G	8,04	1,24	10	10.06	Hs.46320	SPRK [Swissp	0,80
462.		0,04	1,44	- 10	10,00	115.40020	ESTs	0,00
.02.	TTTGAGGTGG					1	[Swissprot:	
	T	8,04	1,24	12,48	4,74	Hs.30627	none]	0,64
463.							inhibitor of DNA	
							binding 4,	
	TGAATATTAAA	8,04	1,24	13,1	4,84	Hs.34853	dominant neg	0,61
464.		ŀ					hypothetical	
			*				protein	
	TCATTCTACTG	8,04	1,24	12.70	4 OE	La 40440	DKFZp547C176	0.50
465.	ICATICIACIG	0,04	1,24	13,79	4,95	Hs.48448	[Swis hyothetical	0,58
-100 .		1					protein	
	ACAAATGAAA						[Swissprot:	•
	Α	8,04	1,24	43,67	7,14	Hs.96657	sp Q9HB	0,18
466.			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		······································		KIAA1105	
				İ		:	protein	
	ATGGCCTGTA						[Swissprot:	
407	A	6,43	0,98	2,53	1,3	Hs.23440	sp Q9H2F7;	2,54
467.							hypothetical	
	GGGGGGGG						protein DKFZp434K092	
	TG	6,43	0,98	2,59	1 34	Hs.279922	0 [Swi	2,48
468.		<u> </u>	- 0,00	2,00	1,0-1	110.270022	nuclear DNA-	2,40
	ATGACTGTAC						binding protein	
	T	6,43	0,98	2,62	1,36	Hs.15164	[Swissprot:	2,45
469.							Homo sapiens	
	CTGGGCAAAC		_	_	_		cDNA FLJ23867	
470	A	6,43	0,98	2,62	1,36	Hs.77266	fis, clone LN	2,45
470.							CDA02 protein	
	TAAATGAATAA	6,43	0,98	2,72	1 40	Ho 333404	[Swissprot:	0.00
471.	I I WATER	0,43	0,80	2,12	1,42	Hs.332404	sp Q96EW9;sp calpain 10	2,36
_ -, , ,,							Swissprot:	
	AGCGCTGATG						sp Q96IG4;sp Q	
	A	6,43	0,98	2,76	1.44	Hs.112218		2,33
472.					,		KIAA1046	
	GTGTGATGCT						protein	
	G	6,43	0,98	2,76	1,44	Hs.89519	[Swissprot:	2,33

							sp Q9NT94;	
473.							olfactomedin 2	
							[Swissprot:	
	GATCTGTTTCT	6,43	0,98	2,79	1,46	Hs.169743	sp[O95897;]	2,30
474.		Ì		-			hypothetical	
						:	protein	
	TAGAGAATGA	0.40	0.00	ا م م	4 40		FLJ20618	0.07
475.	Α	6,43	0,98	2,83	1,48	Hs.699	[Swisspro	2,27
4/5.							translocated promoter region	
	TCAATATTCTT	6,43	0,98	2,87	15	Hs.169750		2,24
476.	TOWN	- 0,70	0,00	2,01	1,0	113.100700	hypothetical	
770.	1	· ·					protein	
	CAGCTCTTAG						FLJ21128	
	G	6,43	0,98	2,87	1,5	Hs.288389	[Swisspro	2,24
477.							hypothetical	
						•	protein	
	TAGTAAAGGC						FLJ12895	
45-	A	6,43	0,98	2,99	1,57	Hs.235390	[Swisspro	2,15
478.							bromodomain	
	TACTTCTCTTT	6.42	0.00	2 00	1 60	Un 104600	adjacent to zinc	2.00
479.	TACTTGTGTTT	6,43	0,98	3,08	1,02	Hs.194688	finger doma microsomal	2,09
4/9.	AAGGTAATAT						glutathione S-	
	G	6,43	0,98	3,18	1.67	Hs.81874	transferase 2	2,02
480.		- 0, 10	0,00	- 0,10	1,01	110.0101	U7 snRNP-	
	CTCAGCCTGA						specific Sm-like	
	A	6,43	0,98	3,22	1,69	Hs.3496	protein LSM10	2,00
481.		,					phytanoyl-CoA	
	GAGTCCAAAT						hydroxylase	
	Α	6,43	0,98	3,28	1,72	Hs.172887		1,96
482.	0407407070						Homo sapiens	
	CACTACTCTG	6.42	0,98	2.20	4 70	LI 472000	cDNA FLJ30036	4.00
483.	G	6,43	0,96	3,28	1,72	Hs.173002	fis, clone 3N putative	1,96
400.	CAAGTGTGGA						ribonuclease III	
	G	6,43	0,98	3,28	1.72	Hs.49163	[Swissprot: s	1,96
484.		0,10	0,00		.,	110110100	ESTs, Weakly	1,00
					:		similar to	
	CAAATCAAGT						T31613	
<u></u>	G	6,43	0,98	3,33	1,74	Hs.296234		1,93
485.							mitochondrial	
	CTATTTAGGG		0.00	0.00	د	7700	ribosomal	
400	Α	6,43	0,98	3,38	1,77	Hs.7736	protein L27 [Sw	1,90
486.							KIAA0857	
	TACTGCAAAA						protein [Swissprot:	
	A	6,43	0,98	3,44	1 2	Hs.24557	sp O94939;	1,87
487.		5,70	0,00	0,77	1,5	. 10.2 1007	acetyl-	1,07
						ļ	Coenzyme A	
				-			acyltransferase	•
	AATTTAAAAAA	6,43	0,98	3,49	1,82	Hs.166160	1 (per	1,84
488.							eukaryotic	
	ATAGATGGGG				,		translation	
100	A	6,43	0,98	3,49	1,82	Hs.183684		1,84
489.	1	1				1	hypothetical	
	COAACATOTT	,			1			
	GGAAGATGTT C	6,43	0,98	3,55	405	Hs.288284	protein FLJ22378	1,81

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

				1			[Swisspro	
490.							RNA polymerase	
49U.	TTTACTGGTA						II transcriptional	
	G	6,43	0,98	3,61	1 99	Hs.167738		1,78
491.	J	0,43	0,90	5,01	1,00	118.107730	nuclear protein	1,70
491.	GAGAAATATC						[Swissprot:	
	T	6,43	0,98	3,68	1,91	Hs.169984		1,75
492.		0,43	0,90	3,00	1,91	115.109904	copine III	1,70
492.			i				Swissprot:	
	TGACCAAAAC						sp O75131;sp Q	
	A	6,43	0,98	3,88	2	Hs.14158	96	1,66
493.	^	0,73	0,30	3,00		113.14130	myotubularin	1,00
493.	CAATGTGCTG						related protein 4	
	T	6,43	0,98	3,96	2 03	Hs.141727	[Swisspr	1,62
494.		0,45	0,90	3,80	2,03	115.141727	stromal	1,02
434.							interaction	
	TAGGAGATTT					·	molecule 1	
	T	6,43	0,98	3,96	2 03	Hs.74597	[Swisspr	1,62
495.		0,43	0,90	3,80	2,03	П <u></u> 8.74097	ESTs	1,02
495.	TGTAGCTGCA			. 1			Swissprot:	
	A	6,43	0,98	4,11	2,1	Hs.107882	none]	1,56
496.	Α	0,43	0,90	4,11	۷,۱	HS.10700Z		1,00
490.	CTTACGTGAT						hypothetical protein from	
	T	6,43	0,98	4,19	2 12	Hs.206501	clone 643 [Sw	1,53
497.		0,43	0,90	4,19	2,13	П5.200001		1,00
497.	ACTGAAATAC						phosphatidylinos	٠.
	T	6,43	0,98	1 16	2 24	LIO 477	itol glycan, class	4 44
498.	<u> </u>	0,43	0,90	4,46	2,24	Hs.177	H [S	1,44
490.							retinoic acid	
							receptor	
	ATAATAAAGCT	6,43	0,98	1 66	0.24	Un 27602	responder	4 20
499.	ATAATAAAGCT	0,43	0,90	4,66	2,31	Hs.37682	(tazaro	1,38
499.							KIAA0116	
						1	protein	
	TAAAATTAAAG	6,43	0,98	4,87	2 20	LIA 100077	[Swissprot:	4.00
500.	TAAAATTAAAG	0,43	0,96	4,07	2,39	Hs.182877	sp Q15024;	1,32
300.	GTAAAACAAT						Homo sapiens cDNA FLJ32068	
	A	6,43	0,98	4,87	2 30	Hs.24758	1	4 22
501.	Λ	0,70	0,30	4,07	2,39	HS.24730	fis, clone OC	1,32
301,	TACTTTTGGC						EST, Moderately	
	IC	6 49	0.00	1 07	2 20	He 204500	similar to	4 20
502		6,43	0,98	4,87	2,39	HS.304598	1604358A nucl	1,32
502.							EST, Weakly	
	GGATTTGGCC						similar to	
	IC	6 13	0,98	4,99	244	Wo 25225	R6HUP2 acidic	4.00
503.	 	6,43	0,98	4,99	∠,44	Hs.253375		1,29
505.				,		1	KIAA1075	
	AATAGGGGAA						protein	
		6 40	0.00	4.00		Un 04 47	[Swissprot:	4.00
EO4	Α	6,43	0,98	4,99	2,44	Hs.6147	sp Q96P25;	1,29
504.							KIAA0729	•
							protein	
	ACTOATTOATT	0.40	0.00	- 44	242	11- 4000 40	[Swissprot:	
	ACTGATTGATT	6,43	0,98	5,11	2,48	Hs.180948		1,26
505.							potassium	
	04407400:						voltage-gated	
	GAAACTAGGA		0.00	F 0.7		1 4=== :	channel,	
						I III A 7 7 5 O 1	LACIOVA	4 200
506.	G TTTAATTTGAA	6,43 6,43	0,98 0,98	5,37 6,76		Hs.47584 Hs.14169	delayed homolog of rat	1,20 0,95

							nadrin	
		1		1			[Swissprot:	
		1					spiQ8	
507								
507.	TA 000T0000				1		Ellis van Creveld	
	TAGGCTGCCG						syndrome	
	G	6,43	0,98	6,76	2,97	Hs.274446		0,95
508.							insulin-like	
	GATAACTACA				i		growth factor	
	T I	6,43	0,98	6,99	3,03	Hs.119206	binding prote	0,92
509.							nuclear pore	
	TAGGGATATC						complex protein	
	A	6,43	0,98	6,99	3 03	Hs.236204		0,92
510.		0,70	0,00	0,00	0,00	110.200204	peptide	0,02
510.		Ì		-				
	1,0000						transporter 3	
	AGCCCTTCCT						[Swissprot:	
	С	6,43	0,98	6,99	3,03	Hs.237856		0,92
511.							ESTs, Weakly	
							similar to	
	GAATGGTCAT						ALU8 HUMAN	
	C	6,43	0,98	6,99	3.03	Hs.48458	ALU S	0,9
512.		-, .	-,	.,50	-,00	1	glutamic	
012.		•					pyruvate	
	ATCTGTGAAA	-					transaminase	
	1	0.40	0.00	7.40	0.45	11- 70005		0.0
	Т	6,43	0,98	7,49	3,15	Hs.79265	(alanine	0,8
513.							kelch-like 2,	
							Mayven	
							(Drosophila)	*
	TCTTTCTTGAA	6,43	0,98	7,76	3.22	Hs.122967		0,8
514.							hypothetical	-,-
•			-	1			protein	
	CAGGGGTTGG					,	FLJ00012	
	G	6.49	0,98	7 76	2 22	Un OdoEd		0.04
		6,43	0,90	7,76	3,22	Hs.21051	[Swisspro	0,83
515.	TGGGTGAAAA					l <u>-</u>	EST [Swissprot:	
	Α	6,43	0,98	8	8,34	Hs.148725		0,8
516.		İ		1			hydroxy-delta-5-	
							steroid	
	TGGTTTGCTG			Ī			dehydrogenase,	
	İT I	6,43	0,98	8	8.34	Hs.38586	3	0,80
517.		,				1.0.0000	ESTs	0,0
• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •							[Swissprot:	
	TTTGTTGTGCT	6,43	0,98	8	0 24	Hs.61232		0,8
E40	111101101001	0,70	0,30		0,34	118.01232	none	0,0
518.				1			follistatin	
	TAAATGTGCA					l.,	[Swissprot:	
	Α	6,43	0,98	8,38	3,35	Hs.301570	sp[Q9BTH0;]	0,7
519.				T			coagulation	
]	factor C	
	CCTACTAAAT			ļ			homolog, cochlin	
	G	6,43	0,98	8,73	3 42	Hs.21016	(L	0,7
520.		5,-10	0,00	5,75	<u> </u>	1.10.21010	SBBI26 protein	0,7
UZU.	TAAAGOTOTO							
	TAAAGCTGTC			<u>, </u>			[Swissprot:	·
	Α	6,43	0,98	8,73	3,43	Hs.26481	sp Q96MV2;sp	0,7
	1					1	syndecan 2	
521.		1					(heparan sulfate	
521.	TGGCCTAATA	1			^ =	LIA 1501	proteoglycan	0,7
521.		6.43	0,98	9,11	3.5	I 🗆 5. I DU I		
	TGGCCTAATA A	6,43	0,98	9,11	3,5	Hs.1501		
521. 522.	Α	6,43	0,98	9,11	3,5	⊓S. 130 I	hypothetical	
	TGAACTTGTT						hypothetical protein CG003	
	Α	6,43 6,43	0,98 0,98 0,98	9,11 9,11 9,98	3,5	Hs.181304 Hs.26685	hypothetical protein CG003	0,7 0,6

	7-2							
	G						necrosis factor related pr	
524.							major	
:	· .						histocompatibilit	
	TTGATTTCTTA	6,43	0,98	11,65	3,93	Hs.198253	y complex, class	0,55
525.							sperm	
							associated	
	TTGAAAGCTC						antigen 1	
	С	6,43	0,98	12,33	4,03	Hs.153057		0,52
526.							G protein-	
	TATATTTACAC	6,43	0,98	42.4		Un 400074	coupled receptor	0.40
527.	IAIAITIACAC	0,43	0,90	13,1	4,14	Hs.160271	48 [Swisspro ESTs	0,49
J2!.							にらい。 [Swissprot:	
	GAAACTATTAT	6,43	0,98	14,97	4,37	Hs.202869	none]	0,43
528.	0,000017411741	5,10	0,00	17,07	7,07	113.202000	hypothetical	0,40
0_0.							protein	
	GCTGTTAGAT					:	MGC2452	
	G	6,43	0,98	14,97	4,37	Hs.275711		0,43
529.							ESTs	
	GTGCTACAGA						[Swissprot:	
L	С	6,43	0,98	16,12	4,49	Hs.134535	none]	0,40
530.							butyrobetaine	
	TAACTTOTOTO	0.40	0.00	00.00	4.00		(gamma), 2-	
F04	TAACTTCTCTC	6,43	0,98	20,96	4,93	Hs.9667	oxoglutarate di	0,31
531.							hypothetical	
		İ					protein MGC10848	
	AAGTCTTTTCT	6,43	0,98	23,29	5.1	Hs.207443		0,28
532.	70.010111101	0,-10	0,00	_20,20	<u> </u>	118.207 440	CD97 antigen	0,20
552.	CATACAGAAG	İ					[Swissprot:	
	Α	6,43	0,98	23,29	5,1	Hs.3107	spiO00718;spiP	0,28
533.							Homo sapiens	
	CAATTGAATT						cDNA FLJ11508	
	G	6,43	0,98	29,95	5,49	Hs.48919	fis, clone HE	0,21
534.							guanine	
	CTOCATOTTA						nucleotide	
	CTGCATCTTA	6,43	0.00	24.04	E 74	110 70707	binding protein	0.40
535.	^	0,43	0,98	34,94	0,71	Hs.73797	(G pr fibulin 1	0,18
000.						-	[Swissprot:	
}	TCCTTAGAAC						sp P23142;sp Q	
	Α	6,43	0,98	41,92	5.97	Hs.79732	9HB	0,15
536.				,	-,-:		mesenchyme	0,10
ľ	CAGAACAACT					,	homeo box 2	
	A	6,43	0,98	52,41	6,26	Hs.77858	(growth arrest-sp	0,12
537.							collagen, type	
1	TAATCCTCAA						XVIII, alpha 1	
F00	G	5,63	1,09	2,12	1,37	Hs.78409	[Swisspro	2,66
538.	TACTTOTOTO				-		stromal cell	
	TACTTGTGTG	5.00	4 00	0 4-	4 40	Un 0054	derived factor	0.50
539.		5,63	1,09	2,17	1,42	Hs.6354	receptor 1	2,59
JJ3.	TTAAGAGGGA						transducer of ERBB2, 1	
	C	5,63	1,09	3,06	2 22	Hs.178137	[Swissprot: sp P	1,84
540.	-	-,55	.,	,00		110.110101	RNA helicase	1,04
1	GTTAACTGGG						family	
	Α	5,63	1,09	3,82	2,8	Hs.48295	[Swissprot:	1,47
					,		<u> </u>	.,

542. T/T T T T T T T T T T T T T T T T T T	CGGCAGTTA	5,63 5,63 5,63	1,09 1,09 1,09	4,42 4,42 4,42 6,55	3,19	Hs.16492 Hs.20013 Hs.245188	DKFZP564G202 2 protein [Swissprot: sp Q9 GCIP-interacting protein p29 [Swissprot tissue inhibitor of metalloproteinas e 3 casein kinase 2,	1,27 1,27 1,27
542. T/ T 543. A(T T S44. GC C S45. A	ACAGTTCCC CATTCCAAG BCGGCAGTTA	5,63 5,63	1,09	4,42	3,19	Hs.20013	2 protein [Swissprot: sp Q9 GCIP-interacting protein p29 [Swissprot tissue inhibitor of metalloproteinas e 3	1,27
542. T/T T T T T T T T T T T T T T T T T T	ACAGTTCCC CATTCCAAG BCGGCAGTTA	5,63 5,63	1,09	4,42	3,19	Hs.20013	sp Q9 GCIP-interacting protein p29 [Swissprot tissue inhibitor of metalloproteinas e 3	1,27
542. T/T T T T T T T T T T T T T T T T T T	ACAGTTCCC CATTCCAAG BCGGCAGTTA	5,63 5,63	1,09	4,42	3,19	Hs.20013	sp Q9 GCIP-interacting protein p29 [Swissprot tissue inhibitor of metalloproteinas e 3	1,27
542. T/T T T T T T T T T T T T T T T T T T	ACAGTTCCC CATTCCAAG BCGGCAGTTA	5,63 5,63	1,09	4,42	3,19	Hs.20013	GCIP-interacting protein p29 [Swissprot tissue inhibitor of metalloproteinas e 3	1,27
543. ACT T S44. GC C S45. A	CATTCCAAG	5,63	1,09	4,42			protein p29 [Swissprot tissue inhibitor of metalloproteinas e 3	
543. A(T) 544. GC C 545. A 546. T.	CATTCCAAG	5,63	1,09	4,42			[Swissprot tissue inhibitor of metalloproteinas e 3	
543. ACT T S44. GC C S45. A	GCGGCAGTTA	5,63	1,09	4,42			tissue inhibitor of metalloproteinas e 3	
544. GC C 545. A 546. T.	GCGGCAGTTA				3,19	Hs.245188	metalloproteinas e 3	1,27
544. G C C 545. A 546. T.	GCGGCAGTTA				3,19	Hs.245188	e 3	1,27
544. GC 545. A 546.	GCGGCAGTTA				3,13	115.245100		1,21
545. A 546. T.	;	5,63	1,09	6,55			Caselli Killase 2. I	
545. A	;	5,63	1,09	6,55				
545. A 546. T		5,53	1,09	0,00	4 20	LI ₀ 02204	alpha prime	0,86
546.	ATTTACTTCC		ļ		4,28	Hs.82201	polypeptide	0,00
546. T.	ATTTACTTCC			1			IQ motif	
546. T.	ATTTACTTCC	I		ļ			containing	
546. T.	ATTIACTICC		4 00		4.00	4740	GTPase	0.04
T.		5,63	1,09	6,67	4,33	Hs.1742	activating pr	0,84
]		ļ			kallikrein 10	
	AAGGCTTAA	_]			[Swissprot:	.
C)	5,63	1,09	15,29	6,67	Hs.69423	sp O43240;]	0,37
547.			1				EGF-like-	
T.	'AAACCTAGG						domain, multiple	
A	\	5,63	1,09	20,38	7,46	Hs.56186	3 [Swissprot:	0,28
548.							interferon	
	,						induced	
A	ACCATTCTGC			,			transmembrane	
Т	r	-6	1,1	-9,54	1,76	Hs.174195	protein	0,63
549.							lamin A/C	
							[Swissprot:	
lo	CGCAAGCTGG						sp P02545;sp Q	
Т		-6	1,1	-11,91	2,27	Hs.77886	969	0,50
550.					<u>`</u>		adenylyl	
							cyclase-	
c	CTCATCAGCT						associated	
ĺΤ		-6	1,1	-12,78	2.46	Hs.104125	protein [Sw	0,47
551.	•	,	.,,,	,.	_,		ribosomal	
001.				1			protein L12	
ام	CCGCCGAAGT						[Swissprot:	
l T		-6	11	-12,82	2 47	Hs.182979		0,47
552.			.,,,	12,02	<u>-, , , , , , , , , , , , , , , , , , , </u>	110.102070	Breakpoint	0,11
	CCTCCCCCGT						cluster region	
	C	-6	1 1 1	-13,13	2 53	Hs.268763		0,46
		-0		-13,13	2,00	118.200703	heat shock 90kD	0,40
553.	CTCACCCCAT					1		
	GTGAGCCCAT	-6		12.04	2 50	Ho 74225	protein 1, beta	0.45
T 7	l	-6	1,1	-13,24	∠,56	Hs.74335	[Swissp	0,45
554.	00004000=	1				1	phosphofructoki	
I	GGCCAGCCCT	_	٠. ا	40.00		455.455	nase, liver	
	Γ	-6	1,1	-16,98	3,36	Hs.155455		0,35
555.							NADH	
							dehydrogenase	
	AGGAGCTGCT						(ubiquinone) Fe-	
	<u>G</u>	-6	1,1	-18,62	3,71	Hs.90443	S pro	0,32
5 5 6.		1		1			eukaryotic	
0	CTCAACAGCA						translation	
<i>I</i>	Α	-6,22	1,17	-5,69	1,33	Hs.7811	initiation factor	1,09
557.	AAGAAGACTT						GABA(A)	
	С	-6,22	1,17	-8,53	2,4	Hs.7719	receptor-	0,73

58

							associated protein [Sw	
558.	CTGAGTCTCC C	-6,22	1,17	-9,14	2,64	Hs.77269	guanine nucleotide binding protein (G pr	0,68
559.	GATAGCACAG T	-6,22	1,17	-10,48	3.16	Hs.107169	(Manual assignment) IGFBP5 insulin- like	0,59
560.	AATGCTTTGTT	-6,22	1,17			Hs.272897	tubulin, alpha 3 [Swissprot:	0.32

PCT/EP2003/014068

Tabelle 6:

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Face/ CGAP	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient (Face/ Breast) / (Face/ CGAP)	
561	CCTCGCTCAGT	8,04	1,24	1	0,11	Hs.75860	hydroxyacyl- Coenzyme A dehydrogenase/ 3-k	8,04	
562	GGGATCAAGGA	8,04	1,24	1,07	0.18	Hs.9265	mitochondrial ribosomal protein L24 [Sw	7,51	-
563	ACTGAGGTGCC	8,04	1,24	1,08		Hs.7768	fibroblast growth factor (acidic) intrac	7,44	
564	ATACTTTAATC	8,04	1,24	1,12		Hs.300711	annexin A5 [Swissprot: sp P08758;sp Q	7,18	
565		8,04	1,24	1,14			accessory proteins BAP31/BAP29		
566			1,24	1,14		Hs.291904 Hs.250581	SWI/SNF related, matrix associated, acti	7,05 6,99	
567	GTCTTAACTCA	8,04	1,24	1,19	0,3	Hs.5074	similar to S. pombe dim1+ [Swissprot: s	6,76	
300	TAAGATTTCAA	8,04	1,24	1,22	0,33	Hs.15265	heterogeneous nuclear ribonucleoprotei n	6,59	
569	TACATTTTCAT	8,04	1,24	1,25	0,36	Hs.77496	small nuclear ribonucleoprotei n polypept	6,43	
570	TTTCTGTATGT	8,04	1,24	1,32	0,42	Hs.180877	H3 histone, family 3B (H3.3B) [Swisspro	6,09	
571	ACTGGAGTTTG	8,04				Hs.5324	hypothetical protein CL25022 [Swissprot	6,00	
572	GTGGCAGCGCT	8,04	1,24	1,37	0,48	Hs.285753	stathmin-like 3 [Swissprot: sp[Q9NZ72;]	5,87	
573	AATAAAGGTGC	8,04	1,24	1,44	0.54	Hs.250899	heat shock factor binding protein 1 [Sw	5,58	
574		8,04				Hs.261828	G protein- coupled receptor		
575						Hs.15106	chromosome 14 open reading frame 1 [Swi	5,54	

				· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			····	
576							cisplatin	
							resistance	
, ,		ا م	104	4.40	0.50	U- 202760	related protein	E E4
	GACTCTGGGAT	8,04	1,24	1,46	0,56	Hs.323769	CRR	5,51
577		1	1		1		progesterone	
İ							receptor	1
							membrane	- 05
	CACACCCCTGA	8,04	1,24	1,53	0,63	Hs.90061	component	5,25
578		į.	ļ				ESTs, Weakly	
	i		ł				similar to	1
							T21364	
	TGACCCCACAG	8,04	1,24	1,54	0,64	Hs.62954	hypotheti	5,22
579			1				p53-regulated	
1 1	,	. 1	1				DDA3	'
							[Swissprot:	
	TTAAAAGCCTT	8,04	1,24	1,71	0,8	Hs.77550	sp P3355	4,70
580							RNA binding	
]						protein S1,	
	TACATTGCTTT	8,04	1,24	1,78	0,86	Hs.75104	serine-rich doma	4,52
581							ATPase, Ca++	
							transporting,	i
	GTTTCAGGTAA	8,04	1,24	1,79	0,87	Hs.1526	cardiac muscl	4,49
582							guanine	
				1			nucleotide	
							binding protein	
	ACACTTCTTTC	8,04	1,24	1,79	0,87	Hs.83381	11 [4,49
583							ARP2 actin-	
							related protein 2	
	AAATACTTCAT	8,04	1,24	1,85	0,91	Hs.42915	homolog (ye	4,35
584							amyloid beta	
							(A4) precursor	
	TAAATAAATAC	8,04	1,24	2,02	1,06	Hs.177486	protein (pro	3,98
585		,				,	transmembrane	
1						Þ	7 superfamily	
	TGCCCACTCAT	8,04	1,24	2,13	1,15	Hs.31130	member 2 [S	3,77
586							chromosome 6	
							open reading	
	GTGATGGGGCC	8,04	1,24	2,2	1,21	Hs.62620	frame 1 [Swis	3,65
587							moesin	
1							[Swissprot:	
	TTCTATTTCAG	6,43	0,98	1	0,13	Hs.170328	sp P26038;]	6,43
588							sorting nexin 3	
1							[Swissprot:	
	GAAGATTAATG	6,43	0,98	1,03	0,15	Hs.12102	sp O60493;s	6,24
589							PR domain	
[1	containing 2,	
	TGAAGAGAATT	6,43	0,98	1,07	0,19	Hs.82306	with ZNF domain	6,01
590							CD44 antigen	
1							(homing function	
	AAGATTGGGGT	6,43	0,98	1,09	0,21	Hs.169610	and Indian	5,90
591							chromosome 20	
						1	open reading	
	CAGCATCTAAT	6,43	0,98	1,2	0.3	Hs.184062	frame 24 [Sw	5,36
592							hypothetical	
]			protein	
1							MGC20781	
	1	1 1	_	1 400		l.,		- 00
	GGAAGTTCAAA	6.43	0.98	1,23	0.33	THS.237536	Swisspro	5.231
593		6,43 6,43	0,98 0,98			Hs.237536 Hs.78601	[Swisspro uroporphyrinoge	5,23 5,14

							n decarboxylase	
							[Swisspr	-
594						ŀ	farnesyl	
							diphosphate synthase	
	GCAGGAATTGA	6,43	0,98	1,26	0.36	Hs.77393	(farnesyl	5,10
595	SONOSATIOA	0,40	0,30	1,20	0,30	118.77383	NHP2 non-	5,10
						-	histone	
							chromosome	
	TAGTATTTTCA	6,43	0,98	1,28	0,37	Hs.182255		5,02
596							chromosome 20	
							open reading	
	TCGTAACGAGG	6,43	0,98	1,29	0,39	Hs.11197	frame 92 [Sw	4,98
597				-			ubiquitin-	
							conjugating	
	CCTCCTCTGAC	6.43	0,98	4 20	0.00	110 00505	enzyme E2H	4.00
598	COTCOTOTOAC	6,43	0,90	1,29	0,39	Hs.28505	(UBC8 h CGI-43 protein	4,98
] 330							Swissprot:	
	CAAGTTAGTGG	6,43	0,98	1,29	0.39	Hs.289112	sp O95766;sp	4,98
599			- 0,00	1,20	0,00	110.200112	KIAA0368	7,00
							protein	
		·					[Swissprot:	
	CATCATTCCTT	6,43	0,98	1,32	0,41	Hs.3852	sp O15074;	4,87
600							ATPase, H+	
			_				transporting,	
	AATATGCTTTA	6,43	0,98	1,38	0,46	Hs.77805	lysosomal (vacu	4,66
601							ribosomal	
	TOAACTCACTC	6.42	0.00	4 20	0.47	11- 404070	protein, large,	4.00
602	TGAAGTCACTG	6,43	0,98	1,39	0,47	Hs.194676		4,63
002							esterase	
	AAAAAACTCCA	6,43	0,98	1,39	0.47	Hs.82193	D/formylglutathio ne hydrolase	4,63
603		0,-10	0,00	1,00	0,77	118.02190	DnaJ (Hsp40)	4,03
							homolog,	
							subfamily A,	·
	CCAATTTATCG	6,43	- 0,98	1,44	0,51	Hs.94	membe	4,47
604							Homo sapiens	
							cDNA:	
							FLJ21264 fis,	
COE	TATACCAATCA	6,43	0,98	1,46	0,53	Hs.303180		4,40
605							chromosome 4	
1	TGGACCCAACT	6,43	0,98	1,48	0.54	Un 270056	open reading	404
606		0,43	0,50	1,40	0,54	Hs.270956	frame 1 [Swis mitochondrial	4,34
555							ribosomal	
	AAGAGTTACGT	6,43	0,98	1,52	0.58	Hs.55041	protein L2 [Swi	4,23
607				-,	3,55		NADH	7,20
							dehydrogenase	
							(ubiquinone) 1	
	TGGTTTGAGCA	6,43	0,98	1,53	0,59	Hs.75227	alpha	4,20
608							ubiquitin-like 1	
	CACAAATCAAT			4			(sentrin)	
600	CAGAAATGAAT	6,43	0,98	1,55	0,61	Hs.81424	[Swissprot:	4,15
609							hypothetical	
1							protein PRO2013	
1	TAACTGTCTTA	6,43	0,98	_1,56	0.62	Hs.238205	Swissprot	4 40
<u> </u>	,	<u> </u>	0,00	1,00	0,02	1 13.200203	LOMISOPIOL	4,12

CATTCCAGAGG 6,43 0,98 1,56 0,62 Hs.247551 Sp(0eBUU3) 4,12 GeCCGCTGCTC 6,43 0,98 1,59 0,64 Hs.151531 chonel 4,04 4,04 cystelnyl-RNA synthetase Sp(0eBUU3) TAGGTTCGTGT 6,43 0,98 1,6 0,65 Hs.159604 Swispprot: 9,402 chonel MAGE:3457003 chonel MAGE:345	610		T					metaxin 1	
CATTCCAGAGG	0,0								
Bit GGCCGCTGCTC G,43 0,98 1,59 0,64 Hs.151531 Swissprot: none 4,04 cystelnyHRNA cystelny	1	CATTCCAGAGG	6.43	0.98	1.56	0.62	Hs.247551		4.12
GGCCGCTGCTC 6,43 0,98 1,59 0,64 Hs.151631 none 4,04 cysteinyl-IRNA synthetase 4,02 TAGGTTCGTGT 6,43 0,98 1,6 0,65 Hs.159604 ISwissprot: \$ 4,02 Homo sapiens, clone IMAGE:3457003 IM		0/11/100/10/100	0, 10	0,00	1,00	- 0,02	11012 11 00 1		
TAGGTTCGTGT		GGCGGCTGCTC	6.43	0.98	1 59	0.64	Hs 151531		4 04
TAGGTTCGTGT 6,43 0,98 1,6 0,65 Hs.159604 [Swissprot: s 4,02 613 TAGGTAGCTCA 6,43 0,98 1,62 0,67 Hs.179999 mRNA 3,97 614 AAGGAGCTGGC 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.155165 [Swissprot: s 2,02 615 ATCGTTGTAAT 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.5683 DEAD/H (Asp-Glu-Als-Asp/His) box polypep 3,87 616 TCCTGCAGCTG 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.283111 Q 3,83 617 TAAAGTGTCTG 6,43 0,98 1,72 0,74 Hs.24750 S [S 3,74 618 CCTGGAGCAAT 6,43 0,98 1,76 0,77 Hs.279593 [Sp]Q96D25; 3,65 619 GGCCGGGGGC A 0,98 1,76 0,77 Hs.279593 [Sp]Q96D25; 3,65 619 GGCCGGGGGC A 0,98 1,79 0,8 Hs.138617 621 TAAGCAGATGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.138617 622 ATGTTGCTGTGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.138617 623 ATGTGGCACAT 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 624 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 625 GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 626 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55) 627 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis.clone SK 3,49 phospatidlylinos itol binding clathrin as 3,49 627		00000010010	0,-10	0,00	1,00	0,0-1	110.101001		
TAGGTTCGTGT 6,43 0,98 1,6 0,65 Hs.159604 [Świssprot: s 4,02 Homo sapiens, clone [MAGE:3457003]	012								
Homo sapiens, clone Homo sapiens, clone Homo sapiens, clone MAGE:3457003 3,97 MAGE:3457003 3,97 MAGE:3457003 3,97 MAGE:3457003 3,97 MAGE:3457003 3,97 MAGE:3457003 3,97 MAGE:3457003 3,97 MAGE:3457003 3,87 MAGE:3457003 MAGE:3457003 3,87 MAGE:3457003		TAGGTTCGTGT	643	0.98	16	0.65	Hs 159604		4 02
TAGGTAGCTCA	613	TAGGITGGTGT	0,70	0,00	1,0	0,00	110.100004		-1,02
TAGGTAGCTCA 6,43 0,98 1,62 0,67 Hs.179999 ,mRNA 3,97 mRNA 3,97 mRNA AAGGAGCTGGC 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.155165 [Swissprot: 3,87 DEAD/H (Asp-Glu-Ale-Asp)-Hisb by Spiral	013								
TAGGTAGCTCA									
AAGGAGCTGGC 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.155165 Swissprot: 3,87		TAGGTAGCTCA	6.43	0.08	1.62	0.67	He 170000		3 97
AAGGAGCTGGC 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.155165 [Swissprot: 3,87 615 ATCGTTGTAAT 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.5683 DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp)/His) Dex polypep 3,87 616 TCCTGCAGCTG 6,43 0,98 1,68 0,71 Hs.283111 Q 3,83 617 TAAAGTGTCTG 6,43 0,98 1,72 0,74 Hs.347950 S [S 3,74 618 CCTGGAGCAAT 6,43 0,98 1,76 0,77 Hs.279593 spl(296D25;s 3,65 619 GGCCGGGGGC A 0,98 1,76 0,77 Hs.93728 Grand hormone receptor are ceptor are	614	IAGGIAGGIGA	0,70	0,00	1,02	0,07	113.170000		0,07
AAGGAGCTGGC 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.155165 Swissprot: 3,87	014								
ATCGTTGTAAT		AAGGAGCTGGC	6 42	0.08	1 66	0.7	⊔ e 155165		3 97
ATCGTTGTAAT 6,43 0,98 1,66 0,7 Hs.5683 box polypep 3,87 CCTGCAGCTG 6,43 0,98 1,68 0,71 Hs.283111 Q 3,83 TAAAGTGTCTG 6,43 0,98 1,72 0,74 Hs.347950 S S S S S 3,74 HSPC171	615	AAGGAGCIGGC	0,43	0,90	1,00	0,1	118.100100		3,07
ATCGTTGTAAT	010								
CCTGCAGCTG		ATCOTTOTA AT	6.49	0.00	1 66	0.7	LIO EGOS		2 07
TCCTGCAGCTG	646	AICGIIGIAAI	0,43	0,96	1,00	0,1	HS.3003		3,07
TCCTGCAGCTG	0.10								
TCCTGCAGCTG			,						
TAAAGTGTCTG		TOOTOOAOOTO	0.40	0.00	4.00	0.74	110 000444		2 02
TAAAGTGTCTG 6,43 0,98 1,72 0,74 Hs.347950 S S S S S S 3,74 HSPC171 protein [Swissprot: splQs6D25;s 3,65 protein [Swissprot: splQs6D25;s splQs6	047	TOCTGCAGCTG	0,43	0,96	1,00	0,71	MS.203111		3,03
TAAAGTGTCTG	617								-
CCTGGAGCAAT 6,43 0,98 1,76 0,77 Hs.279593 Spige		TAAAOTOTOTO	0.40	0.00	4 70	0.74	11-047050		0.74
CCTGGAGCAAT 6,43 0,98 1,76 0,77 Hs.279593 splQ96D25;s 3,65	0.10	TAAAGIGICIG	6,43	0,98	1,72	0,74	HS.347950		3,74
CCTGGAGCAAT 6,43 0,98 1,76 0,77 Hs.279593 Spige6D25;s 3,65	618						l	1	
CCTGGAGCAAT 6,43 0,98 1,76 0,77 Hs.279593 sp Q96D25;s 3,65 619		1					ļ.		
GGCCGGGGC					4		l		
GGCCGGGGC A 0,98 1,76 0,77 Hs.93728 factor 3,65 thyroid hormone receptor interactor 12 3,59 inhibitor of Bruton's tyrsoine kinase [3,59 ESTs, Weakly similar to KBF3_HUMAN NUCLE 3,55 Homo sapiens GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 G24 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 G25 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 G27 AGATTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 italiant transcription factor 3,65 thyroid hormone receptor interactor 12 3,59 inhibitor of Bruton's tyrsoine kinase [3,59 ESTs, Weakly similar to KBF3_HUMAN NUCLE 3,55 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434J042 8 (f 3,55 Sin3-associated polypeptide, AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 Homo sapiens cDNA FLJ32493 fis, clone SK 3,49 phosphatidylinos itol binding clathrin as 3,49 forms and transcription in transcription		CCTGGAGCAAT	6,43	0,98	1,/6	0,77	Hs.279593		3,65
GGCCGGGGC A 0,98 1,76 0,77 Hs.93728 transcription factor 3,65 620 CTTTGCTGTGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.138617 inhibitor of Bruton's tyrsoine kinase [3,59 inh	619							·	
A 6,43 0,98 1,76 0,77 Hs.93728 factor 3,65 thyroid hormone receptor interactor 12 3,59 inhibitor of Bruton's tyrsoine kinase [3,59 inhibitor of Bruton's ty							, ·	I I	
CTTTGCTGTGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.138617 interactor 12 3,59 inhibitor of Bruton's tyrsoine kinase [3,59 ESTs, Weakly similar to KBF3_HUMAN NUCLE 3,55 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434J042 GGAGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 624 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 625 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627									
CTTTGCTGTGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.138617 interactor 12 3,59 inhibitor of Bruton's tyrsoine kinase [3,59 inhibi		Α	6,43	0,98	1,76	0,77	Hs.93728		3,65
CTTTGCTGTGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.138617 interactor 12 3,59 inhibitor of Bruton's tyrsoine kinase [3,59	620								
621 TAAGCAGATGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.7387 kinase [3,59 622	1								1
TAAGCAGATGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.7387 kinase [3,59 ESTs, Weakly similar to KBF3_HUMAN ATGTGGCACAT 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 NUCLE 3,55 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZP434J042 GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 624 SGAGCCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627		CTTTGCTGTGT	6,43	0,98	1,79	0,8	Hs.138617		3,59
TAAGCAGATGT 6,43 0,98 1,79 0,8 Hs.7387 kinase [3,59 622 BSTs, Weakly similar to KBF3_HUMAN NUCLE KBF3_HUMAN NUCLE 3,55 623 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZP434J042 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZP434J042 3,55 624 Sin3-associated polypeptide, 18kD [Swis 3,55 625 Homo sapiens cDNA FLJ32493 fis, clone SK phosphatidylinos itol binding clathrin as 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627 transcription transcription 3,49	621				ļ				
622 ATGTGGCACAT 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 NUCLE 3,55 623 GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 624 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 625 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627									
ATGTGGCACAT 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 NUCLE 3,55 623 GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 624 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627			6,43	0,98	1,79	0,8	Hs.7387		3,59
ATGTGGCACAT 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 NUCLE 3,55 623 GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 624 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 625 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627	622								
ATGTGGCACAT 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.67776 NUCLE 3,55 623 GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 624 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 625 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627								1	
623 GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 sin3-associated polypeptide, 18kD [Swis 3,53 Homo sapiens cDNA FLJ32493 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 form									
GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 sin3-associated polypeptide, 18kD [Swis 3,53 Homo sapiens cDNA FLJ32493 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 form			6,43	0,98	1,81	0,81	Hs.67776		3,55
GGAGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 sin3-associated polypeptide, AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 Homo sapiens cDNA FLJ32493 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 form	623	4			1				
GGAGGGCTGGG 6,43 0,98 1,81 0,81 Hs.80545 8 (f 3,55 sin3-associated polypeptide, AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 Homo sapiens cDNA FLJ32493 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK phosphatidylinos itol binding AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627 transcription	1						1		1
624 AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 Homo sapiens cDNA FLJ32493 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 phosphatidylinos itol binding AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 franscription									
AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD [Swis 3,53 Homo sapiens cDNA FLJ32493 fis, clone SK 3,49 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 phosphatidylinos itol binding AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 franscription	<u></u>		6,43	0,98	1,81	0,81	Hs.80545	8 (f	3,55
AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD Swis 3,53 625 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627 627	624					_			
AGACCATATTA 6,43 0,98 1,82 0,82 Hs.23964 18kD Swis 3,53 625 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 626 AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627 627									
CDNA FLJ32493 CDNA FLJ32493 GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49 phosphatidylinos itol binding AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 627 transcription			6,43	0,98	1,82	0,82	Hs.23964		3,53
GTAATGAAGCA 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.5011 fis, clone SK 3,49	625		-]			Homo sapiens	
626 phosphatidylinos itol binding AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 transcription						1	1	CDNA FLJ32493	
626 phosphatidylinos itol binding AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 transcription		GTAATGAAGCA	6,43	0,98	1,84	0,83	Hs.5011	fis, clone SK	3,49
AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49 transcription	626		-						
AGTTTAAGCAT 6,43 0,98 1,84 0,83 Hs.7885 clathrin as 3,49					1		1		
627 transcription		AGTTTAAGCAT	6,43	0,98	1,84	0,83	Hs.7885		3,49
l 1	627				<u> </u>				
			6.43	0.98	1,86	0.84	Hs.173638		3.46
			·		<u> </u>			<u> </u>	

	T					-	cell sp	
628							RAB7, member	
							RAS oncogene	
- 000	TTAATATATGC	6,43	0,98	1,87	0,86	Hs.237955		3,44
629							voltage- dependent anion	
	ACAAATTATGA	6,43	0,98	1,94	0.91	Hs.78902	channel 2 [Swis	3,31
630	7.070011711071	0,40	0,00	1,04	0,01	113.70002	integrin, alpha E	0,01
				,			(antigen CD103,	
	GAGCTGTTGGT	6,43	0,98	1,98	0,93	Hs.851	human	3,25
631							KIAA0964	
					*		protein	
	TTGTGAGAATA	6,43	0,98	2	0.05	Hs.177425	[Swissprot: sp Q9Y2H0;	2 00
632	TIGIGAGAATA	0,43	0,90		0,95	П5.177420	hypothetical	3,22
002							protein	
							PRO1843	
	TAAAATTTGTA	6,43	0,98	2,06	0,99	Hs.283330	[Swissprot	3,12
633							histone	
							deacetylase 6	
İ	GCAAGGTTGCA	6,43	0,98	2,1	1.02	Hs.6764	[Swissprot: sp O9	2.06
634	GCAAGGTTGCA	0,43	0,50	۷,۱	1,02	П5.0704	glutathione S-	3,06
							transferase M4	
	GCCCCTGCCTT	6,43	0,98	2,12	1,03	Hs.348387		3,03
635							MADP-1 protein	·
							[Swissprot:	
	AGGACTTCTGA	6,43	0,98	2,12	1,03	Hs.43847	sp[Q96TA6;]	3,03
636							LUC7-like (S.	
	TTGAGTAGGAA	6,43	0,98	2,16	1.06	Hs.16803	cerevisiae) [Swissprot: s	2,98
637		- 0,10	0,00	2,10	1,00	110.10000	ESTs, Weakly	2,00
							similar to 178885	
	GATTCAACCAA	6,43	0,98	2,21	1,09	Hs.321435	serine/th	2,91
638							Homo sapiens,	
							RIKEN cDNA	
	TGAAATGAAGG	6,43	0,98	2,23	1 11	Hs.106129	2700047N05	2,88
639		0,40	0,30	2,23	1,11	113.100129	ESTs, Weakly	2,00
							similar to	
							S16506	
	CACCGGACACT	6,43	0,98	2,25	1,13	Hs.293937	hypotheti	2,86
640							Homo sapiens,	
							clone MGC:17005	
	TGGCTTAAATG	6,43	0,98	2,28	1 14	Hs.336402	IMAGE:4182	2,82
641	 	0, 10	0,00	2,20	1,17	113.000402	leucine-zipper-	2,02
							like	
							transcriptional	
	CCAAGGGCCCT	6,43	0,98	2,3	1,16	Hs.78788	regu	2,80
642	1				,		breast	
							carcinoma amplified	
	TACAGGAAGTT	6,43	0,98	2,33	1 17	Hs.22960	sequence 2 [2,76
643		, 10	0,00	_,00	*, ',	. 10.22000	ribosomal	2,10
							protein S16	
l .	1						Swissprot:	
	GCTCCGAGCGT	5,63	1,09	1,04		Hs.80617	spIP1	5,41

644	T		····	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		I	on our	
644							sperm associated	
							antigen 7	
	GGGCTGGGGTA	5,63	1,09	1,7	0,91	Hs.90436	[Swissprot:	3,31
645							acid-inducible	
							phosphoprotein	
L	TGGCTTGCTCA	5,63	1,09	1,96	1,2	Hs.278670	[Swisspro	2,87
646		:					ESTs,	
							Moderately	
		ا	امد				similar to zinc	
647	AACACAGGAGG	-6	1,1	-0,61	0	Hs.222874		9,84
047	1						Homo sapiens mRNA; cDNA	
							DKFZp564A216	
-	AATCATTGAGG	-6	1,1	-0,8	0	Hs.19150	4 (f	7,50
648			.,	- 0,0	<u>_</u>	1.0.10100	mitochondrial	7,00
						-	ribosomal	-
	ACCTTCAAAAA	-6	1,1	-1,34	0	Hs.28444	protein S10 [Sw	4,48
649							single-minded	
							homolog 2	
	GTGGTGAGCAC	-6	1,1	-1,41	0,01	Hs.27311	(Drosophila) [S	4,26
650)						Homo sapiens	
							cDNA;	
	GCCTTGGCCCT	-6	1,1	-1,45	0.02	Hs.18978	FLJ22822 fis, clone K	4 4 4
651		-0	1,1	-1,40	0,02	ПS. 1097 0	sarcospan (Kras	4,14
00	<u>'</u>		•				oncogene-	
	GAGTAGCTGAG	-6	1,1	-1,6	0.05	Hs.183428	associated gene	3,75
652				.,-	-,		PTPRF	
							interacting	
	*						protein, binding	
	CCCGGCCCAAA	-6	1,1	-1,72	0,08	Hs.133207	prote	3,49
653	1					l	EST [Swissprot:	
<u> </u>	TGCCTGTAGTT	-6	1,1	-1,72	0,08	Hs.246646		3,49
654	H						Cdc42 effector	
į	стестестест	-6	1,1	-1,79	0.00	Hs.12289	protein 2 [Swissprot: sp	3,35
655		-0		-1,73	0,05	115.12209	ESTs, Weakly	3,30
500	1						similar to 157588	
ŀ	GCGAAATCCCA	-6	1,1	-1,79	0.09	Hs.268728		3,35
656							LIM domain	-,
							binding 1	
							[Swissprot:	
	TCCTGACCACC	-6	1,1	-1,91	0,12	Hs.26002	sp O75	3,14
657		ا _ ا		ا ہے د			EST [Swissprot:	
	AGCCGAGATTG	-6	1,1	-1,91	0,12	Hs.303143		3,14
658							Notch homolog 3 (Drosophila)	
	TTCCATAGCCT	-6	1,1	-1,98	0 12	Hs.8546	S (Drosophila)	3,03
659		0		1,00	0,13	113,0040	EST, Weakly	3,03
					-		similar to	
							2109260A B cell	
	CCGTTGCACTC	-6	1,1	-2,06	0,15	Hs.333900	g	2,91
660	0						hypothetical	
			ļ		_	l	protein PP5395	
	GTTCCAGCAGC	-6	1,1	-2,21	0,18	Hs.23918	[Swissprot:	2,71
66	L	_		0.00	00:	05046	microspherule	
	GTGCGGTACCT	-6	1,1	-2,33	<u>U,21</u>	Hs.25313	protein 1	2,58

ATTGTACCACT -6 1,1 -2,44 0,23 Hs.7099 [Swisspro 2,46] 663 CCTGTAAACCC -6 1,1 -2,48 0,24 Hs.303910 mRNA 2,42 664 TCATCATCAGA -6 1,1 -2,56 0,26 Hs.177592 [Swissprot 2,34] 665 TGATTGATTTG -6 1,1 -2,56 0,26 Hs.5912 sp[Q9Y 2,34] 666 CCACTGCAATC -6 1,1 -2,56 0,27 Hs.15464 clone C 2,31 GTAGCTGAGTC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.339573 sp[P49447; 2,31] 667 GACCACCTTTA -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.339573 sp[P49447; 2,31] 670 GCTCAGATCGG -6 1,1 -2,79 0,31 Hs.155191 sp[C9W 2,34] 673 GCGGCAGACAC -6 1,1 -2,79 0,31 Hs.155191 sp[P15311; 2,15] 674 GCGGCAGAGCTG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCTG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 [Swissprot: 3ppedie-type CCGGCAGAGCCG -6 1,1 -3,22 0,4 Hs.336340 none] [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [Swissprot: 3ftransmembrane protein 36 (KOX hs.) [[Swissprot: sp]	
ATTGTACCACT -6 1,1 -2,44 0,23 Hs.7099 [Swisspro 2,46 Homo sapiens, clone mindset] CCTGTAAACCC -6 1,1 -2,48 0,24 Hs.303910 mRAGE:3922927 mRNA 2,42 rb. clone mindset] TCATCATCAGA -6 1,1 -2,56 0,26 Hs.177592 P1 [Swissprot 2,34 F-box only protein 7 [Swissprot: sp]Q9Y 2,34 Hbmo sapiens clone mindset] CCACTGCAATC -6 1,1 -2,56 0,26 Hs.5912 sp]Q9Y 2,34 Hbmo sapiens clone CCACTGCAATC -6 1,1 -2,56 0,27 Hs.15464 clone C 2,31 Hbmo sapiens clone mindset] GTGGCACATAC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.33127 mRNA, 2,31 clone mindset] GTGGCACATAC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.339673 sp]P49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 [Sw 2,31 insulin-like growth factor 2 growth fac	662				-			protein	
Horno sapiens Corne CCTGTAAACCC -6 1,1 -2,48 0,24 Hs.303910 MAGE:3922927 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA mRNA 2,42 mRNA mRNA 2,42 mRNA mRNA 2,42 mRNA 2,42 mRNA mRNA 2,44 mRNA mRNA mRNA 2,44 mRNA mRNA mRNA 2,44 mRNA		ATTGTACCACT	-6	1.1	-2.44	0.23	Hs.7099		2.46
MAGE:3922927 CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCC CATGTAAACCCC CATGTAAACCCCAACCCAACC CATGTAAACCCCAACCCAACC CATGTAAACCCCAACCCAACCCAACCCAACCCAACCCAA	663				,			Homo sapiens,	
CCTGTAAACCC -6 1,1 -2,48 0,24 Hs.303910 mRNA 2,42 ribosomal protein, large, pr		·							
TCATCATCAGA		CCTGTAAACCC	-6	1,1	-2,48	0,24	Hs.303910		2.42
TCATCATCAGA	664					• • •		ribosomal	
TGATTGATTTG	:	TOATOATOAGA	6	4.4	0.56	0.06	Un 477500		0.04
TGATTGATTTG -6 1,1 -2,56 0,26 Hs.5912 splCg9Y 2,34 Homo sapiens cDNA: FLJ21351 fls, clone C 2,31 Hs.15464 clone C 2,31 Hs.667 CCACTGCAATC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.31237 Immorphisms, clone IMAGE:3829438 I	665	TCATCATCAGA	-0	1,1	-2,36	0,∠6	HS.177592		2,34
TGATTGATTTG								protein 7	
CCACTGCAATC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.15464 Homo sapiens cDNA; Clone C 2,31		TOATTOATTO		4.4	0.50	0.00	11- 5040		
CCACTGCAATC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.15464 Homo sapiens, clone IMAGE:3829438 GTGGCACATAC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.331237 Homo sapiens, clone IMAGE:3829438 mRNA, 2,31 Cytochrome b 561 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Cytochrome b 561 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Cytochrome b 561 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 Cytochrome b 561 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 2 Sw 2,31 Image: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 Swissprot: splP49447; 2,31 microfibrillar associated protein 3 microfibrillar associated protein 3 microfibrillar associat	666	IGAIIGAIIIG	-0	1,1	-2,56	0,26	HS.5912		2,34
CCACTGCAATC -6				,			<u> </u>		
Homo sapiens, clone MAGE:3829438 2,31 3,31237 mRNA, 2,31 3,31237 mRNA, 2,31 3,31237 mRNA, 2,31 3,31237 mIssing protein growth factor 2 3,31237 missing protein growtha		00407004470							
GTGGCACATAC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.331237 mRNA, 2,31	667	CCACTGCAATC	-6	1,1	-2,6	0,27	Hs.15464		2,31
GTGGCACATAC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.331237 ,mRNA, 2,31	007								
TTAGCTGAGTC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.339673 sp P49447; 2,31 microfibrillar-associated protein 2 Sw 2,31 microfibrillar-associat								IMAGE:3829438	
TTAGCTGAGTC -6 1,1 -2,6 0,27 Hs.339673 spl?49447; 2,31 microfibrillar-associated protein 2 [Sw 2,31 insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?49447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?4447] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?444] (insulin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?444] (insulin-like growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: spl?444] (insulin 2 (ezrin) [Swissprot: spl	660	GTGGCACATAC	-6	1,1	-2,6	0,27	Hs.331237		2,31
TTAGCTGAGTC	800								
GACCACCTTTA		TTAGCTGAGTC	-6	1,1	-2,6	0,27	Hs.339673		2.31
GACCACCTTTA	669							microfibrillar-	
GCTCAGATCGG		CACCACCTTTA	6		0.6	0.07	110 00554	1 3	0.04
GCTCAGATCGG -6 1,1 -2,71 0,29 Hs.158286 growth factor 2 receptor [2,21 villin 2 (ezrin) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP1531; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot: splP15311; 2,15 (EV) [Swissprot:	670	GACCACCITIA	-0	1,1	-2,0	0,27	HS.03001		2,31
CGGAACACCGT -6 1,1 -2,79 0,31 Hs.155191 Swissprot: splP15311; 2,15	"								
CGGAACACCGT -6 1,1 -2,79 0,31 Hs.155191 splP15311; 2,15 splP15	074	GCTCAGATCGG	-6	1,1	-2,71	0,29	Hs.158286		2,21
CGGAACACCGT -6	6/1								
672 GCGGCTGACAG -6 1,1 -2,94 0,34 Hs.77868 protein [Swissprot: sp Q96MU7; 2,04 speckle-type POZ protein CTTCGGATGTC -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 [Swissprot: sp 1,97 purinergic receptor P2X, CGGCAGAGCTG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.321709 ligand-gated io 1,97 claudin 5 (transmembrane GACCGCGGCTT -6 1,1 -3,09 0,37 Hs.110903 protein deleted 1,94 zinc finger protein 36 (KOX ATGGTGGGCAC -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 18) [Swissp 1,92 677 AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 [Swissprot: 1,81 specific protein 3 to 1,81		CGGAACACCGT	-6	1,1	-2,79	0.31	Hs.155191		2.15
GCGGCTGACAG -6 1,1 -2,94 0,34 Hs.77868 sp Q96MU7; 2,04 speckle-type POZ protein [Swissprot: sp	672			-					
GCGGCTGACAG -6 1,1 -2,94 0,34 Hs.77868 sp Q96MU7; 2,04					-				
Speckle-type		GCGGCTGACAG	-6	11	-2 94	0.34	He 77868		2.04
CTTCGGATGTC -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.129951 POZ protein [Swissprot: sp 1,97 674 CGGCAGAGCTG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.321709 ligand-gated io receptor P2X, ligand-gated io receptor P2X, ligand-gated io claudin 5 (transmembrane protein deleted protein deleted protein 36 (KOX) 676 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 4 3 4 4 3 4	673			','	2,04	0,04	113.77000		2,04
CGGCAGAGCTG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.321709 Igand-gated io 1,97 Igand-gated io 1,97 Igand-gated io 1,97 Igand-gated io 1,97 Igand-gated io 1,97 Igand-gated io 1,97 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,94 Igand-gated io 1,97								POZ protein	
CGGCAGAGCTG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.321709 receptor P2X, ligand-gated io 1,97 claudin 5 (transmembrane protein deleted 1,94 zinc finger protein 36 (KOX ATGGTGGGCAC -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 18) [Swissp 1,92 EST [Swissprot: AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 RNA binding motif protein 3 (SWissprot: 1,81 -3,32 0,42 Hs.301404 Swissprot: 1,81	674		-6	1,1	-3,05	0,36	Hs.129951		1,97
CGGCAGAGCTG -6 1,1 -3,05 0,36 Hs.321709 ligand-gated to claudin 5 (transmembrane protein deleted 1,97 675 GACCGCGGCTT -6 1,1 -3,09 0,37 Hs.110903 protein deleted 1,94 676 Zinc finger protein 36 (KOX ATGGTGGGCAC -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 18) [Swissp 1,92 677 AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 678 GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 [Swissprot: 1,81	014								
675 GACCGCGGCTT -6 1,1 -3,09 0,37 Hs.110903 protein deleted 1,94 676 ATGGTGGGCAC -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 18) [Swissp 1,92 677 AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 678 GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 [Swissprot: 1,81			-6	1,1	-3,05	0,36	Hs.321709		1,97
GACCGCGGCTT -6 1,1 -3,09 0,37 Hs.110903 protein deleted 1,94 2inc finger protein 36 (KOX ATGGTGGGCAC -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 18) [Swissp 1,92 677 AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 RNA binding motif protein 3 GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 [Swissprot: 1,81]	675							claudin 5	
676 ATGGTGGCAC -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 18) [Swissp 1,92 677 AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 678 GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 [Swissprot: 1,81		GACCGCGGCTT	-6	44	-3 00	0.37	He 110002		404
ATGGTGGGCAC -6 1,1 -3,13 0,38 Hs.132390 18) [Swissp 1,92 677 AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 678	676		-0		-0,09	0,37			1,94
677 AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 678 RNA binding motif protein 3 GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 Swissprot: 1,81								protein 36 (KOX	-
AGCCCAGGAGG -6 1,1 -3,21 0,4 Hs.136340 none] 1,87 678 RNA binding motif protein 3 GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 [Swissprot: 1,81	677		-6	1,1	-3,13	0,38	Hs.132390		1,92
678 RNA binding motif protein 3 STO STO STORM ST	0//		-6	11	-3 21	n 4	He 136340		1 97
GTGGTGTACGC -6 1,1 -3,32 0,42 Hs.301404 Swissprot: 1,81	678			', '	<u> </u>	0,4	110,100040		1,0/
670	1							motif protein 3	
0/3 AGGAAGGAACA -6 1,1 -3,4 0,44 Hs.323910 v-erb-b2 1,76	670								
	0/9	AGGAAGGAACA	6	1,1	-3,4	0,44	Hs.323910	v-erb-b2	1,76

							erythroblastic leukemia viral o	
680							eukaryotic	
000		-		~			translation	
	TTGGCTAGGCC	-6	1,1	-3,4	0,44	Hs.334437	initiation factor	1,76
681							ubiquitin fusion	
				l			degradation 1-	
	AGGAGTCGACA	-6	1,1	-3,43	0,45	Hs.181369	like [Sw	1,75
682							hypothetical	
	1			Ì			protein similar to	
	CAGCCTTGCGG	-6	1,1	-3,55	0,47	Hs.315164	actin re	1,69
683							novelzin	
l							[Swissprot:	
i			الملا	2.50	0.40	11- 405005	sp Q8WYN1;sp	167
- 00.4	CGCCCCCTGCG	-6	1,1	-3,59	0,48	Hs.135805	Q96AX	1,67
684							lymphocyte cytosolic protein	
	тевстестесе	-6	1,1	-3,59	0.48	Hs.76506	1 (L-plasti	1,67
685		-0		-3,35	0,40	115.70300	synuclein,	1,07
000							gamma (breast	
	CGGCTGCCCAC	6	1,1	-3,63	0.49	Hs.63236	cancer-specific	1,65
686	000010000/10	. 0	1,1	0,00	0,10	110.00200	KIAA0397 gene	1,700
			'				product	
			1				[Swissprot:	
	ACAAAGGGCCC	-6	1,1	-3,66	0,5	Hs.7416	splO4	1,64
687							ataxin 2 related	
							protein	
	AGTGGAGGGAA	-6	1,1	-3,97	0,56	Hs.43509	[Swissprot: sp	1,51
688							Tara-like protein	
							[Swissprot:	
	GCCCCACAGCC	-6	1,1	-4,01	0,57	Hs.40342	sp Q9H2D6	1,50
689	1						ESTs, Highly	
	TOOOLOTOTOO	١ .		4 04	0.57	111- 75040	similar to	4.50
	TGGCAGTCTGC	-6	1,1	-4,01	0,57	Hs.75313	A49674 flightles	1,50
690				[butyrophilin,	
	AACCCGGAAGG	-6	1,1	-4,31	0.63	Hs.87497	subfamily 3, member A2 [S	1,39
691		-0	1,1	-4,31	0,03	HS.01491	hypothetical	1,08
091							protein	
1							FLJ10439	,
	GGCAGCTGGCA	-6	1,1	-4,35	0.64	Hs.3487	[Swisspro	1,38
692			<u> </u>	1,7=1			thymosin, beta	
							10 [Swissprot:	
	GCCCCTGCGCA	-6	1,1	-4,35	0,64	Hs.76293	sp P13472	1,38
693	3						carbonic	
							anhydrase II	
			1				[Swissprot:	
	ATTTCAAGATG	-6	1,1	-4,39	0,65	Hs.155097		1,37
694	4						Misshapen/NIK-	
		:		,		11- 440000	related kinase	
<u> </u>	CCCTTCCCCGG	-6	1,1	-4,58	0,69	Hs.112028		1,31
695	7						ribosomal	1
							protein S6 kinase, 90kD,	
	GTCACTGCCTC	-6	1,1	-4,69	0.72	Hs.105584		1,28
696		-0	1,1	-4,09	0,72	1113.100004	HSPC028	1,20
090	1		1	1			protein	
ı			1	1	i .			
	TATGTGATTTG	-6	1,1	-4,85	0.75	Hs.5216	Swissprot:	1,24

		T					sp Q9H3F7;s	
697							vinexin beta	
		1					(SH3-containing	
	GCAACTTGGAG	-6	. 1,1	-4,92	0,77	Hs.33787	adaptor mol	1,22
698							chromodomain	
			i				helicase DNA	
	CAGCAGTAGCG	-6	1,1	-4,96	0,77	Hs.74441	binding protei	1,21
699							hypothetical	
							protein	
							FLJ14251	
	GTGGCACCTGC	-6	1,1	-5	0,78	Hs.281462		1,20
700			1				protein tyrosine	
Ī		1					phosphatase,	
	TCTGTCCTCAG	-6	1,1	-5,38	0,86	Hs.75216	receptor t	1,12
701							hypothetical	
			1				protein	
							FLJ13881	
	CTCTGCCCTCC	-6	1,1	-5,42	0,87	Hs.115412		1,11
702							hypothetical	
l		v					protein	
l		_					MGC10433	
	TGGAAGGACCG	-6	1,1	-5,53	0,9	Hs.5086	[Swisspro	1,08
703							nuclear mitotic	
į							apparatus	
704	GACAGTGTGGG	-6	1,1	-6,68	1,14	Hs.301512		0,90
704				:			Homo sapiens	
	COTOTAATOOO		4 4 7	4.00	0.00	11- 404040	clone 23551	0.00
705	GCTGTAATCCC	-6,22	1,17	-1,89	0,06	Hs.184019		3,29
705							EST, Moderately	
					,		similar to	
	CCTGTAATACC	-6,22	1,17	-1,97	0.00	Un 210705	ALU7_HUMAN AL	2.46
706		-0,22	1,17	-1,97	0,00	Hs.310795	hypothetical	3,16
700			i				protein	
							FLJ23185	*
	ACACTGCACTC	-6,22	1,17	-2,02	0.1	Hs.287732		3,08
707	1,10,10,100,1010		• ', ' '	2,02	0,1	110.201702	ESTs,	0,00
101		i					Moderately	
							similar to	
							ALU7_HUMAN	
	GTGAAACACTG	-6,22	1,17	-2,04	0.11	Hs.145357		3,05
708		,					Homo sapiens	
							cDNA FLJ13295	
	CCAGTAATCCC	-6,22	1,17	-2,42	0,22	Hs.237078		2,57
709		, ,					squamous cell	
							carcinoma	
İ	AACGCGAACAC	-6,22	1,17	-2,79	0,33	Hs.288319		2,23
710							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
							DKFZp761P021	
	CCCGTAATCCC	-6,22	1,17	-3,19	0,46	Hs.274168	2 (f	1,95
.711							KIAA0738 gene	
							product	
						1	ا ، ، ا	
	ATGGTGCCACT	-6,22	1,17	-3,21			[Swissprot:	

Tabelle 7:

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Face/ CGAP	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient (Face/ Breast) / (Face/
712.					-		RAN binding	CGAP)
1 12.							protein 9	
	TCAACGGTGTG	4,82	0,88	2,17	1 30	Hs.279886	[Swissprot:	2,22
713.	TCAACGGTGTG	4,02	0,00	2,17	1,50	113.27 3000	adipose specific	
						11- 74400	2 [Swissprot:	240
714.	GACCAGCTGGC	4,82	0,88	2,30	1,41	Hs.74120	sp Q1584 seven	2,10
1							transmembrane	
	GTGGATGGACT	4,82	0,88	2,62	1 69	Hs.350752	domain orphan recept	1,84
715.	GIGGAIGGACI	4,02	0,00	2,02	1,00	113.000702	B-cell	1,0 /
							translocation	}
	TATATTGATTG	4,82	0,88	2,86	1,87	Hs.77054	gene 1, anti- prolif	1,69
716.	-						golgi associated,	
	ТТАААТААААС	4,82	0,72	2,91	1 33	Hs.87726	gamma adaptin ear cont	1,66
717.	11774174740	7,02	0,72	2,01	1,00	110.07120	UDP-glucose	.,,,,
1							ceramide glucosyltransfera	
	GCACTTGCATC	4,82	0,72	2,91	1,33	Hs.152601		1,66
718.							similar to	
							Unknown (protein for	
	AAATAAGTATT	4,82	0,72	2,91	1,33	Hs.13386	IMAGE:40	1,66
719.							hypothetical protein	
					'		DKFZp434P223	
	TTTTGAAATAA	4,82	0,72	2,91	1,33	Hs.105891		1,66
720.							Homo sapiens mRNA; cDNA	
							DKFZp434A152	
721.	ACAAAAAAAA	4,82	0,88	2,97	1,95	Hs.326583	0 (f RAB11A,	1,62
121.		1					member RAS	
	TTCCACCAACC	4,82	0 70	207	1 25	Hs.75618	oncogene family	1,62
722.	TTCCACCAACC	4,02	0,72	2,97	1,30		Hermansky-	1,02
							Pudlak	
	TCTCCAACAAC	4,82	0,72	3,02	1 38	Hs.282804	syndrome 3 [Swissprot:	1,60
723.	TOTOGRACIA	7,02	0,12	0,02	. 1,00	110.20200+	H326	1,50
							[Swissprot: sp Q12839;sp Q	
	CACTCTGGAAT	4,82	0,72	3,02	1,38	Hs.110707	96E00;]	1,60
724.							hypothetical	
							protein FLJ12892	
	TAAGCAGCACG	4,82	2 0,72	2 3,08	3 1,41	Hs.17731	[Swisspro	1,56

725.				į			DEAD/H (Asp-	
	00101011000	4 00	0.70	2 00	4 44	110 474005	Glu-Ala-Asp/His)	4 50
726.	GGACAGAACCC	4,82	0,72	3,08	1,41	Hs.171835	box polypep Homo sapiens,	1,56
720.							clone MGC:4710	
	GGCATTTATTG	4,82	0,72	3,08	1,41	Hs.12705	IMAGE:35348	1,56
727.	000/11///110	.,02	- 0,12	0,00	• • • • •	110.121.00	ESTs	
			-	·			[Swissprot:	
	GCCTGATATTA	4,82	0,72	3,08	1,41	Hs.10852	none]	1,56
728.							RAN binding	
			1				protein 2	
							[Swissprot:	
	GTGTGAAATAA	4,82	0,88	3,11	2,06	Hs.199179	sp P4	1,55
729.							inositol	
							hexaphosphate kinase 2	
	AGGCTGTTGGA	4,82	0,72	3,14	1 //3	Hs.323432		1,54
730.	AGGGTGTTGGA	7,02	0,72	0,141	1,70	113.020402	histone	1,07
1.00.		l					deacetylase 7A	
	TTTTTGTAAAA	4,82	0,72	3,14	1,43	Hs.275438	[Swissprot: sp Q	1,54
731.					-		E1A binding	•
							protein p300	
	CAATTAAAGTT	4,82	0,72	3,14	1,43	Hs.25272	[Swissprot: sp	1,54
732.			İ				nucleoporin	
i							133kD	
	TOAGOTTOATA	4.00	0.70		4.40	40457	[Swissprot:	4 = 4
733.	TGAGCTTGATA	4,82	0,72	3,14	1,43	Hs.12457	sp Q8WUM0	1,54
733.							HSKM-B protein [Swissprot:	
	CCTCTTGTAAT	4,82	0,72	3,21	1 46	Hs.66170	sp Q96Al4;sp	1,50
734.	00101101741	7,02	0,72	0,21	1,40	113.00170	hypothetical	1,00
'`				1			protein	
							PRO2900	
	AATATGGATGA	4,82	0,72	3,21	1,46	Hs.283473	[Swissprot	1,50
735.							KIAA1600	
						İ	protein	
1		4.00					[Swissprot:	
700	CAGGACTAAGA	4,82	0,72	3,21	1,46	Hs.192619	sp Q9HCH2;	1,50
736.							ESTs	
	ACCACAGTTTG	4,82	0,72	3,21	1 46	Hs.188881	[Swissprot:	1,50
737.	AOOAOAOTTTO	7,02	0,12	<u> </u>	1,70	113.100001	adrenomedullin	1,00
1,0,,	o						[Swissprot:	
	AAAGAGAAAGA	4,82	0,72	3,28	1,49	Hs.394	sp[P35318;]	1,47
738.							KIAA0187 gene	
							product	
							[Swissprot:	
	ACTTGGGGCTG	4,82	0,72	3,28	1,49	Hs.10848	sp Q1	1,47
739.							ESTs	
	CACAACTOTO	4.00		2 25		11- 000004	[Swissprot:	
740	CAGAACTGTGA	4,82	0,72	3,35	1,51	Hs.333634	none]	1,44
740.							thiosulfate sulfurtransferase	
	TTTTTAGAATT	4,82	0,72	3,42	154	Hs.248267	(rhodanese	1,41
741.	I I I I A SAATT	7,02	0,12	<u> </u>	1,04	110.240201	centaurin,	1,41
							gamma 3	
						1	[Swissprot:	
	TAAACTTTGTA	4,82	0,88	3,49	2,32	Hs.286084		1,38
L	ITAAACITIGIA	4,82	0,88	3,49	2,32	HS.286084	spiQ96P4	1,

742.							Homo sapiens	
			İ	İ		The state of the s	cDNA: FLJ22300 fis,	
1		4 00	0.70	3,49	1 57	1	clone H	1,38
	TGTGGCGTATA	4,82	0,72	3,49	1,51	HS.200903	tumor protein	1,00
743.			Ì				D52 [Swissprot:	
	TGAAAAGCTTA	4,82	0,88	3,53	2.35		sp P55327	1,37
744.	10/44/00/1/	-,,					Mid-1-related	
,							chloride channel	
	GATGTAGTGGG	4,82	0,72	3,57	1,60	Hs.93121	1 [Swiss	1,35
745.							Homo sapiens	,
						,	mRNA; cDNA	
			0.70	0.57	4.00	110 40450	DKFZp586C181	1,35
	ACTGCAGACAA	4,82	0,72	3,57	1,60	Hs.42458	7 (f Homo sapiens,	1,30
746.							clone	
							IMAGE:4052238	,
	CTGGTACCTGT	4,82	0,72	3,57	1.60	Hs.348514	l l	1,35
747.	CIGGIAGGIGI	7,02	- 0,72	- 0,0,1			adenosine	
/ - / /	,		i				deaminase,	
							RNA-specific, B1	
	AGACGCTGTCA	4,82	0,72	3,66	1,64	Hs.85302	(R	1,32
748.							vesicle-	į
							associated	i
		4.00	0.70	2 00	1 6 1	Uo 66709	membrane protein 3 (c	1,32
	TAACCCACTGG	4,82	0,72	3,66	1,04	Hs.66708	type 1 tumor	1,02
749.			İ	İ		ľ	necrosis factor	
	TTTCATTAATC	4,82	0,72	3,66	1 64	Hs 247043	receptor sh	1,32
750.	IIIOAIIAAIO	7,02	- 0,72	0,00		1.0.2 0 .0	3-hydroxy-3-	
, 00.						ļ	methylglutaryl-	
1	GAAGTGGCAGT	4,82	0,72	3,66	1,64	Hs.11899	Coenzyme A re	1,32
751.							Homo sapiens	
]	cDNA:	
1		400	0.70	2.74	1.67	La 0061	FLJ21954 fis,	1,29
<u></u>	TGATTTTTGAG	4,82	0,72	3,74	1,07	Hs.9961	clone H HSPC154	1,23
752.				,			protein	
							[Swissprot:	
1	TAAATAAAGGA	4,82	0,72	3,74	1,67	Hs.7922	splQ9BVV7;s	1,29
753.							KIAA0182	
							protein	
1							[Swissprot:	4.00
	CTAACTGGTGT	4,82	0,72	3,74	1,67	Hs.75909	sp Q14687;	1,29
754.				1			retinoblastoma	
	CCTTCATCACA	4,82	0,72	3,83	1 70	Hs.76272	binding protein 2	1,26
755.	GCTTCATCAGA	4,02	0,12	3,03	1,10	110.10212	mitogen-	1,20
1 33.							activated protein	
1	AGTCTTCTGAC	4,82	0,72	3,83	1,70	Hs.246970		1,26
756.	1		<u> </u>	-			superkiller	
							viralicidic activity	· · · · ·
	ATGATAAAACA	4,82	0,72	3,93	1,74	Hs.89864	2-like	1,23
757.				[Homo sapiens	
1							mRNA; cDNA DKFZp434M042	ĺ
	CCAACTTTTC	4 00	0.70	4,03	1 77	Hs.326048		1,20
758.	GCAACTTTTTG	4,82						
	CTGCCCTAGAA	4,82		4,03	1,77	7 Hs.180178	Homo sapiens,	1,20

		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		т			al-ma	
			ì				clone IMAGE:3947276	
							, mRNA,	
759.						:	ankyrin repeat	
700.		1					and SOCS box-	
	CATCCATCTGT	4,82	0,72	4,03	1.77	Hs.153489	containing 1	1,20
760.			-,-	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	.,.		inositol	
							hexaphosphate	
							kinase 2	
	TCTGTGCTCCC	4,82	0,72	4,14	1,81	Hs.323432	[Swissp	1,16
761.							KIAA0937	
							protein	
	,	•					[Swissprot:	
	AGGTGTCTTTG	4,82	0,72	4,25	1,84	Hs.62264	sp Q9Y2E6;	1,13
762.							mitogen-	
							activated protein	
	GCAGGATCGGG	4,82	0,72	4,25	1,84	Hs.3080	kinase 7 [Swi	1,13
763.							hydroxysteroid	
							(17-beta)	
	GATTTCTACTG	4,82	0,72	4,25	1 0 1	Hs.187579	dehydrogenase	4 40
764.	GATTICIACIG	4,02	0,12	4,25	1,04	ПS. 10/3/9	syntaxin 7	1,13
704.	,						[Swissprot:	
							splO15400;splQ	
	TAGAAAAAATG	4,82	0,72	4,49	1.92	Hs.8906	96	1,07
765.							engulfment and	.,,,,,
							cell motility 1	
	CTGTGGAATAA	4,82	0,72	4,49	1,92	Hs.31463	(ced-12 h	1,07
766.							vav 3 oncogene	
							[Swissprot:	
	GGCCTGGGGGT	4,82	0,72	4,49	1,92	Hs.267659		1,07
767.							Homo sapiens	
	COCTTOAATAA	4.00	0.70	4.40	4.00	11- 40700	mRNA full length	4.0=
768.	GCGTTCAATAA	4,82	0,72	4,49	1,92	Hs.19720	insert cDN	1,07
					-		ligand of numb-	
	GAAAAATGGTC	4,82	0,72	4,62	1 06	Hs.66295	protein X [Swissprot: sp	1,04
769.	0,000010010	-1,UZ	0,72	7,02	1,50	113.00233	dishevelled, dsh	1,04
						1	homolog 2	
İ	TAGCTGCCTTT	4,82	0,88	4,69	3.01	Hs.118640		1,03
770.				,	,		synaptic nuclei	.,
							expressed gene	
	GAAGGCTTTAT	4,82	0,72	4,76	2,00	Hs.8182	1b [Swis	1,01
771.							Homo sapiens,	
							clone	
	TO OTHER STATE			,	_	l	MGC:20555	
770	TGCTAACTGCA	4,82	0,72	4,76	2,00	Hs.236522	IMAGE:3641	1,01
772.							KIAA0229	
		·					protein	
	AACGCAAAAAA	4,82	0,72	4,76	2.00	He 20000	[Swissprot:	4 04
773.	AVOCONAVA	4,02	0,72	4,76	2,00	Hs.20060	sp Q92625; decay	1,01
113.						1	accelerating	
						1	factor for	
	TAAAACAAGAA	4,82	0,88	4,84	3 00	Hs.1369	complement	1,00
774.	22 2 3 10 10 10 10 1	1,02	0,00	-,,5-	- 0,03	1 10.1000	hypothetical	1,00
						1	protein	
	TGTAAAATCCT	4,82	0,72	5,07	2.09	Hs.4896	BC010682	0,95
		 	<u> </u>			<u> </u>	· _ · - · · · · · · · · · · · · · · · ·	

							[Swisspro	
775.							Homo sapiens	.,,
		4.00					cDNA FLJ11997	2.05
770	CCCTTCAAAAA	4,82	0,72	5,07	2,09	Hs.288671	fis, clone HE	0,95
776.			Ì				matrix metalloproteinas	
	TGAATAAAATG	4,82	0,72	5,07	2.09	Hs.154057	e 19 [Swissprot:	0,95
777.		-,,		5,5.			methylcrotonoyl-	
						• •	Coenzyme A	
	CATTTGGGTCA	4,82	0,72	5,24	2,14	Hs.47649	carboxylase 1	0,92
778.		ŀ					histidyl-tRNA	
	TTAAATAAAAT	4,82	0,72	5,24	2 14	Hs.278507	synthetase-like [Swisspro	0,92
779.	117000170001	7,02	- 0,12	0,24	۷, ۱٦	113.270007	ESTs,	0,32
							Moderately	
		1					similar to	
	TACACAGAACA	4,82	0,72	5,24	2,14	Hs.24283	DEHUMT methy	0,92
780.							SEC24 related	
	CAGACCATTGT	4,82	0,72	5,24	211	Hs.211612	gene family,	0,92
781.	CAGACCATIGI	4,02	0,12	5,24	2,14	П5.Z1101Z	member A (S. adaptor-related	0,92
" " "							protein complex	
	CCGTAGGTGGG	4,82	0,72	5,42	2,19	Hs.80917	3, sigma	0,89
782.							mitochondrial	
		4.50			0.40		ribosomal	
702	TCAGTGAATTA	4,82	0,72	5,42	2,19	Hs.247324	protein S14 [Sw	0,89
783.				×			KIAA0652 gene product	
,				1			[Swissprot:	
	GGAAATAAAAA	4,82	0,72	5,61	2,24	Hs.79672	splO7	0,86
784.							Homo sapiens	
			ļ	1			mRNA; cDNA	
1	TGTCCACACAT	4,82	0,72	5,61	2 24	Un 5007	DKFZp586P162	0.06
785.	IGICCACACAT	4,02	0,72	5,01	2,24	Hs.5897	2 (f Homo sapiens,	0,86
700.							Similar to RIKEN	
	TCAATAAATTC	4,82	0,72	5,61	2,24	Hs.346257	cDNA 1110	0,86
786.							PRKC,	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
							apoptosis, WT1,	
	TGCACTACCCT	4 00	0.72	5.64	2 24	Lla 476000	regulator	0.00
787.	IGCACTACCCT	4,82	0,72	5,61	2,24	Hs.176090	annexin A7	0,86
101.			1				[Swissprot:	
	CAGGTCATTGC	4,82	0,72	5,82	2,29	Hs.78637	sp[P20073;]	0,83
788.							Homo sapiens	
							cDNA FLJ13026	
700	GACTCTGGAAA	4,82	0,72	5,82	2,29	Hs.343665		0,83
789.							CDC-like kinase 1 [Swissprot:	
	TTTATTTTGTT	4,82	0,72	5,82	2 29	Hs.2083	sp P49759	0,83
790.		- 1,02	<u> </u>		,	0.200	Homo sapiens	0,00
1							cDNA FLJ10684	
	TACTGTAATTC	4,82	0,72	5,82	2,29	Hs.106861	fis, clone NT	0,83
791.				T			acyl-Coenzyme	
	TGATAATCOTA	4.00	0.70	600	0.04	He 0705	A oxidase 2,	0.00
792.	TGATAATGGTA	4,82	0,72	6,00	0,61	Hs.9795	branched chai Homo sapiens,	0,80
1 02.	TACCTAATTAT	4,82	0,72	6,00	6 61	Hs.82223	Similar to	0,80
		-,		-,00	-,01	1	1	0,00

	T				T		chordin-like, c	
793.							arginase, liver	
							[Swissprot:	
	TCATTCAAAAA	4,82	0,72	6,00	6,61	Hs.344036	sp P05089;]	0,80
794.							ESTs	
							[Swissprot:	
	GAATAAACTAA	4,82	0,72	6,00	6,61	Hs.276590	none]	0,80
795.			1				MT-	
	İ						protocadherin	
	CAATCAACCTC	4 00	0.70	6.00	6.64	Un 127556	[Swissprot:	0.00
700	CAATCAACCTC	4,82	0,72	6,00	6,61	HS.13/330	sp Q96JP9;	0,80
796.	втстсстсств	4,82	0,72	6,05	2,34	Hs.328002	EST [Swissprot: none]	0,80
797.	GICICCICCIG	4,02	0,72	0,00	2,04	115.520002	duodenal	0,00
191.				İ		-	cytochrome b	
							[Swissprot:	
	TAAAATGTTGT	4,82	0,72	6,05	2.34	Hs.31297	sp Q9	0,80
798.	1,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,			-,,,,	,		butyrophilin,	-,
		1					subfamily 3,	
	TGCTTGTCAAG	4,82	0,72	6,05	2,34	Hs.284283	member A1 [S	0,80
799.				-	-		ESTs, Weakly	
			}				similar to	
	TTAATAAATCA	4,82	0,72	6,05	2,34	Hs.136102	D29149 proline-r	0,80
800.							KIAA0284	
*							protein	
			4				[Swissprot:	
	GAATTTGTTCT	4,82	0,72	6,29	2,40	Hs.182536		0,77
801.				j			hypothetical	
							protein MGC11386	
	TGTTCTCATTG	4,82	0,72	6,29	2.40	Hs.176067		0,77
802.	IGITOTOATTO	4,02	0,72	0,29	2,40	1113.170007	myeloma	0,77
002.				ļ		İ	overexpressed	
							gene (in a	
	CTGCAGGACCC	4,82	0,72	6,29	2,40	Hs.116051		0,77
803.							programmed cell	
							death 4	
	CACCCTAAAAC	4,82	0,72	6,55	2,45	Hs.326248		0,74
804.				1			replication factor	
			_				C (activator 1) 3	
	GACCAAAGGGT	4,82	0,72	6,55	2,45	Hs.115474		0,74
805.							promyelocytic	
	1001010010	4 00	0.70	0.04	0.54	110 00000	leukemia	0.70
200	AGCACAGGGAC	4,82	0,72	6,84	2,51	Hs.89633	[Swissprot: sp P	0,70
806.							Homo sapiens, similar to	
	Į						Molybdenum	
	GCAGGGGAGTT	4,82	0,72	6,84	2,51	Hs.5250	cofa	0,70
807.	307,0000,1011	1,02	<u> </u>	3,04	<u> </u>	1.10.0200	baculoviral IAP	0,10
			-	.	**		repeat-	
		[],					containing 6	
L	CAAATTCTTCC	4,82	0,72	6,84	2,51	Hs.250646		0,70
808.			·				AE binding	
		[protein 1	
						1	[Swissprot:	
	GCACGGAAAAA	4,82	0,72	6,84	2,51	Hs.118397		0,70
1000							twist homolog	
809.	GTAAAATGCAA	4,82	0,72	7,15		Hs.66744	(acrocephalosyn	0,67

							dactyly 3;	
810.							ESTs, Weakly similar to	
							T13423	
044	GGTACACATAC	4,82	0,72	7,15	2,58	Hs.347286		0,67
811.							insulin- degrading	
							enzyme	
	TGACACAGCCA	4,82	0,88	7,31	4.10	Hs.1508	[Swissprot: sp	0,66
812.							hypothetical	
		ļ			1		protein	
	000	4 00	0.00				FLJ11088	
042	GGCTTTGTACG	4,82	0,88	7,49	4,16	Hs.49282	[Swisspro	0,64
813.							type I intermediate	
							filament	
ŀ	AGACCAATGAA	4,82	0,72	7,49	2,64	Hs.9029	cytokeratin	0,64
814.			·				hypothetical	
							protein	
		4 00		- 40			FLJ23251	
815.	TTAAAGCCTCT	4,82	0,72	7,49	2,64	Hs.170737	[Swisspro	0,64
815.							small acidic protein	
							Swissprot:	
	ACTATAACCAT	4,82	0,72	7,86	2.71	Hs.78050	sp O00	0,61
816.							adaptor protein	
							containing pH	
2.1=	ATTTTTGTACA	4,82	0,72	7,86	2,71	Hs.27413	domain, PT	0,61
817.			·				chromosome 9	
	AGAAATAAGGA	4,82	0,72	7,86	2 71	Hs.16603	open reading frame 12 [Swi	0,61
818.	710700117010071	7,02	0,72	1,00	2,11	113.10000	Kruppel-like	0,01
				;			factor 4 (gut)	
<u> </u>	TTTAAATAGCC	4,82	0,72	8,27	2,79	Hs.7934	[Swissprot:	0,58
819.							CDC-like kinase	
	CACCTCACCTC	4 00	0.70	0.07	0.70	11- 005004	4 [Swissprot:	0 =0
820.	GAGGTCACCTC	4,82	0,72	8,27	2,79	Hs.295231	sp Q9HAZ1 KIAA0563-	0,58
020.							related gene	
1							[Swissprot:	
	TGGATGGCCTG	4,82	0,72	8,27	2,79	Hs.190488		0,58
821.							Duffy blood	-
		j					group	
	TCTCCCCCACC	4 00	0.70	0.70	0.00	11- 400	[Swissprot:	0.55
822.	TCTGGCCCAGC	4,82	0,72	8,73	∠,86	Hs.183	sp Q16570	0,55
الكيد.							Homo sapiens cDNA FLJ13871	
	ATTGACAACAG	4,82	0,72	8,73	2,86	Hs.178499	fis, clone TH	0,55
823.					-		lysyl oxidase	
	TO 4 TTTO 6 TO T						[Swissprot:	
004	TCATTTGGTGT	4,82	0,72	8,73	2,86	Hs.102267	sp[P28300;]	0,55
824.							DEAD/H (Asp-	
	TTTGAGGATTG	4,82	0,88	9,25	4 68	Hs.147916	Glu-Ala-Asp/His) box polypep	0,52
825.		7,02	0,00	0,20	-1,00	110.171010	Friedreich ataxia	0,02
							region gene	
	TTTACTTTGGG	4,82	0,72	9,25	2,94	Hs.77889	X123 [Swi	0,52
826.	TAAAGCTTAGT	4,82	0,72	9,25	2,94	Hs.32417	hypothetical	0,52
							region gene X123 [Swi	_

							protein	
							MGC4309	
			İ				[Swissprot	
827.							hypothetical	
							protein	
							MGC4663	
	ACATTGCAGCC	4,82	0,72	9,83	3,03	Hs.16846	[Swissprot	0,49
828.							zinc finger,	
							DHHC domain	
000	TTTTGGATCCA	4,82	0,72	10,48	3,12	Hs.5943	containing 2 [0,46
829.							enhancer of	
	TTGACAAACTA	4,82	0,72	10,48	2 42	Un 120000	polycomb 1	. 0.46
830.	TIGACAAACTA	4,02	0,12	10,46	3,12	ПS. 129996	[Swissprot: sp Q	0,46
030.							protein tyrosine phosphatase,	
	AACAAGCCAAA	4,82	0,72	11,23	3 21	Hs.211595		0,43
831.		.,02		11,20	<u> </u>	110.211000	sterol O-	0,-10
							acyltransferase	
ı	GAAGATATTCC	4,82	0,72	12,09	3,32	Hs.14553	(acyl-Coenzyme	0,40
832.							ESTs	
t							[Swissprot:	
	CAATGTTATTT	4,82	0,72	12,09	3,32	Hs.12876	none]	0,40
833.	.						Ras-related	
	<u> </u>					1	associated with	
00.4	CAGATTTTTGT	4,82	0,72	12,09	3,32	Hs.1027	diabetes [S	0,40
834.						j	NADH	
							dehydrogenase	
	CAGTTTGCATC	4,82	0,88	12,58	E 11	Hs.31547	(ubiquinone) 1	0.00
835.	CAGIIIGCAIC	4,02	0,00	12,50	3,44	П8.31341	alpha ESTs	0,38
033.		-					[Swissprot:	
	TATCCCTAAGG	4,82	0,72	13,10	3.43	Hs.121692		0,37
836.		,,,,	<u> </u>	,.	0,10	1101121002	aldehyde	0,01
							dehydrogenase	
							3 family,	
	GACTTCTGTCC	4,82	0,72	14,29	3,55	Hs.87539	member	0,34
837.			-				ESTs	
							[Swissprot:	
	GTAAAACCCGT	4,82	0,72	14,29	3,55	Hs.334306		0,34
838.							peroxisomal	
ŀ	CACCAACTCAA	4 00	0.70	44.00	2.55	11- 204620	biogenesis	0.04
839.	CAGGAACTGAA	4,82	0,72	14,29	3,55	HS.301636	factor 6 [Swissp	0,34
രാജ.						Ė	cathepsin H [Swissprot:	
							sp P09668;sp Q	
	CTGGTCCTGGA	4,82	0,72	15,72	3,67	Hs.288181	3p i 03000,3p Q	0,31
840.		-,,	<u> </u>	,	5,51	. 101200101	lung type-I cell	0,01
							membrane-	
L	TGTCTCCGTCT	4,82	0,72	15,72	3,67	Hs.135150		0,31
841.							Homo sapiens	
	•						mRNA; cDNA	
			-				DKFZp564N106	
	TCCATTAAAAT	4,82	0,72	17,47	3,81	Hs.236443		0,28
842.							hypothetical	
							protein	
	1						FLJ20343	
	TTCTCTCCAAA	/ ഗരവ	0.70	1 47 471	0.04	111-00400		
843.	TTGTGTCCAAA TCCTGTAAATT	4,82 4,82	0,72 0,72	17,47 17,47	3,81 3,81	Hs.20432 Hs.203862	[Swisspro guanine	0,28 0,28

<u>.</u>	CAGATAAACCA	4,02	0,67	3,49	2,07	Hs.168481	minichromosom	1,15
860.					-		мсм3	
859.	GATTACCTGTG	4,02	0,67	3,45	2.05	Hs 110403	hexosaminidase A (alpha polypeptide) [S	1,17
858.	TCAAGAAACAT	4,02	0,67	3,05	1,81	Hs.78580	DEAD/H (Asp- Glu-Ala-Asp/His) box polypep	1,32
	CTGCCATAACT	4,02	1,24	2,83	2,59	Hs.110445	[Swissprot: sp Q96FX0;sp	1,42
857.	GTGATGTACGG	4,02	0,67	2,76	1,62	Hs.6639	coupled receptor 107 [Swisspr CGI-97 protein	1,46
855. 856.	TAGTAAGTCAT	4,02	0,67	2,67	1,56	Hs.346911	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586E052 4 (f G protein-	1,51
854.	GATATCAGTCT	4,02	0,67	2,62	1,52	Hs.66394	ring finger protein 4 [Swissprot: sp P7	1,53
853.	TAAAATTGCTG	4,02	0,67	2,54	1,47	Hs.75257	stem-loop (histone) binding protein [Sw	1,58
852.	TTGCTAGAGGG	4,02	1,24	1,99	1,51		ubiquitously- expressed transcript [Swis	2,02
851.	AACCAGAAAAT	4,82	0,72	31,44	4,54		Homo sapiens PBDX mRNA, complete cds [S	0,15
850.	TATACAAACCA	4,82	0,72	26,20	4,33	Hs.126901	Homo sapiens mRNA full length insert cDN	0,18
849.	GCTGGAGGAGG	4,82	0,72	22,46		Hs.119651	glypican 3 [Swissprot:	0,21
848.	ACGAATAGAGC	4,82	0,72	22,46	4.14	Hs.142019	ESTs, Weakly similar to 1207289A reverse	0,21
847.	CTAAGCGCAGG	4,82	0,72	19,65	3,97	Hs.181205		0,25
846.	AGGGATCGAAA	4,82	0,72	19,65	3,97	Hs.33033	tumor endothelial marker 7-related precu	0,25
845.	TAGCAAAGATT	4,82	0,88	18,50	6,37	Hs.166172		0,26
844.	стеттстстте	4,82	0,88	18,50	6,37	Hs.46824	(G pr ESTs [Swissprot: none]	0,26
							nucleotide binding protein	

		I					e maintenance	
							deficien	
861.						,	thioredoxin	
		4.00	0.07	2.04	0.45	LI- 470E0C	interacting	4 40
000	TTTTTGTATTA	4,02	0,67	3,64	2,15	Hs.179526		1,10
862.		ļ					hypothetical protein	
						•	FLJ20234	
	GCCCAGCGGCC	4,02	1,24	3,85	3,64	Hs.194385	·	1,04
863.	0000,100000	1,02	1,44-1	0,00	0,0-1	110.10-1000	hypothetical	1,01
							protein	
		İ					FLJ10656	
	GGAAGATGAAC	4,02	0,67	3,85	2,27	Hs.300906	- 	1,04
864.		1					potassium	
		,					channel	
	CAAAACCCTCT	4.00	0.67	2 04	0.00		modulatory	4.00
865.	CAAAAGGCTCT	4,02	0,67	3,91	2,30	Hs.5392	factor [Sw axotrophin	1,03
000.		İ					Swissprot:	
1]						sp Q9BTR9;sp	•
	TAATTTCTCAA	4,02	0,67	4,30	2.49	Hs.5306	Q9H	0,93
866.		<i>'</i>					HMG-box	
							containing	
		l					protein 1	
	ATGTTGCCCCT	4,02	1,24	5,40	4,89	Hs.10882	[Swissprot	0,74
867.	,						KIAA1007	
							protein	
	ACACACAAAAA	4,02	0,67	7,08	2 54	Hs.279949	[Swissprot:	0.57
868.	ACACACAAAA	4,02	0,07	7,00	3,04	H5.279949	sp Q9BVZ6; ESTs, Weakly	0,57
000.						~	similar to	
							DAP1 HUMAN	
	GCGCATCAAAA	4,02	0,67	10,00	10,06	Hs.59761	DEATH	0,40
869.							Human small	
							proline rich	
	AGCTTCTACCA	4,02	0,67	10,00	10,06	Hs.11261	protein (sprII)	0,40
870.							glypican 3	
	CATTTOTTTOA	4.00	0.67	46 20	E 20	LIO 4400E4	[Swissprot:	0.05
871.	GATTTCTTTGA	4,02	0,67	16,38	5,30	Hs.119651	sp P51654;] (Manual	0,25
071.				:			assignment)	
							Adipsin, minor	
	GCGTCGGTGCA	4,02	0,67	26,20	6,23	Hs.155597	tag [0,15
872.		1			, ,		poly(A) binding	
							protein, nuclear	
	AATAAAGTTGT	3,62	1,05	1,90	1,30	Hs.117176		1,91
873.							hypothetical	
							protein	
	AACAAACTTOT	2 60	4.05	2.02	1 40	Un 40700	[Swissprot:	4 70
874.	AAGAAAGTTCT	3,62	1,05	2,02	1,46	Hs.10729	sp Q9B	1,79
014.	GGGGGTGGA	-					putative protein similar to nessy	
	G	3,62	1,05	3,77	3 30	Hs.300423		0,96
875.		5,02	1,00	0,11	0,00	. 10.000720	likely homolog of	0,50
			1				rat and mouse	
	TCAATAAATGT	3,62	1,05	9,25	6,40	Hs.106747		0,39
876.							Homo sapiens	
L	CCAGTACAGCC	3,62	1,05	10,04	6,69	Hs.140978	mRNA; cDNA	0,36
						·		· · ·

				1			DKFZp762H106	
							(fr	
877.							diacylglycerol O-	
							acyltransferase	
	GGTGTCTGTGG	3,62	1,05	18,14	8,76	Hs.334305	homolog	0,20
878.		ļ					vesicle-	
		į					associated	
							membrane	
	TGGCTGGGAAA	3,21	1,22	2,13	1,92	Hs.172684	protein 8 (e	1,51
879.		ļ		1			thyroid hormone	
	OATA OTTOTOO	0.04	4 00	0.00	0.40	77650	receptor	4.40
l	GATAGTTGTGG	3,21	1,22	2,30	2,19	Hs.77558	interactor 7 [1,40
880.							ribosomal	,
	CACTCTCAAAA	3,21	0,86	2,34	1 72	Uc 2/2665	protein S15a [Swissprot: sp P	1,37
881.	GACTCTGAAAA	3,21	0,60	2,34	1,72	HS.343003	Homo sapiens	1,37
001.							cDNA FLJ14030	
	CAGTGAATGAA	3,21	0,47	2,56	1 32	Hs.287864		1,25
882.	CAGTGAATGAA	0,21	0,47	2,001	1,02	113.207004	tripartite motif-	1,20
002.							containing 2	
	CACAAAATCTC	3,21	0,47	2,59	1.34	Hs.12372	[Swisspro	1,24
883.	07.07.07.01.01.0	0,21	<u> </u>	,	1,01		hook2 protein	.,
000.							[Swissprot:	
1	TGCTGCCTCAG	3,21	0,47	2,62	1.36	Hs.30792	sp O60562;sp	1,23
884.		,,			.,		KIAA0372 gene	
							product	
l							Swissprot:	
	CAATTCCTTCA	3,21	0,47	2,62	1,36	Hs.170098		1,23
885.			_				KIAA0141 gene	
						i .	product	
							[Swissprot:	
	TGCCAGAAATG	3,21	0,47	2,83	1,48	Hs.63510	sp Q1	1,13
886.							Homo sapiens,	
							clone	
			0.47	0.07	4.50	40750	IMAGE:3354845	4.40
	TATATGGATGT	3,21	0,47	2,87	1,50	Hs.42758	, mRNA,	1,12
887.							syndecan 2	
	TOCOCTAATAT	2 24	0,47	3,13	1.04	Ho 4504	(heparan sulfate proteoglycan	4.02
888.	TGGCCTAATAT	3,21	0,47	3,13	1,04	Hs.1501	clone FLB4739	1,03
000.							[Swissprot:	
	CCTGAGTTGAT	3,21	0,47	3,18	1 67	Hs 294083	sp[Q9P1N5;]	1,01
889.	0010/01/0/1	0,21	0,11	0,10	1,07	110.201000	histone	1,01
1000.							acetyltransferas	
	TTCTCTGCTCA	3,21	0,47	3,38	1.77	Hs.21907	e [Swissprot: s	0,95
890.		1		,	.,,	1.0.2.001	mitochondrial	
	:						ribosomal	
	TCTGTTATTGG	3,21	0,47	3,44	1,80	Hs.182698	protein L20 [Sw	0,93
891.					· · · · ·		EST [Swissprot:	
	TAAATGTCCTG	3,21	0,47	3,49	1,82	Hs.193331	none]	-0,92
892.							hypothetical	
							protein	
						1	FLJ20273	
<u></u>	TACACTACTGA	3,21	0,47	3,49	1,33	Hs.95549	[Swisspro	0,92
893.							matrin 3	
							[Swissprot:	
			١	۔ ا	, -		sp P43243;sp Q	
	TATAATTTGTG	3,21	0,47	3,49	1, <u>33</u>	Hs.78825	9H4N	0,92
<u> </u>	INIMITIOIG	ا ع,د ا	U,4 /	J,49		113.70020	ואן וען	

894.							thyroid hormone	
	_						receptor	
	CTTTTTGGAAA	3,21	0,47	3,49	1,33	Hs.77558	interactor 7 [0,92
895.							anaphase-	
							promoting	
	40470704070		0.47	0.40	4.00		complex 1;	
000	AGATGTGAGTG	3,21	0,47	3,49	1,33	Hs.40137	meiotic ch	0,92
896.							hypothetical	
	·						protein FLJ11273	
	AAAAATAAAAT	3,21	0,47	3,49	4 22	Un 200002		0.00
897.	77777177771	3,21	0,47	3,49	1,33	Hs.299883	EST [Swissprot:	0,92
097.	TGGAAAGCTAG	3,21	0,47	3,49	1 22	Hs.294837		0.00
898.	IGGAAAGCIAG	3,21	0,47	3,49	1,33	П5.294037	none] matrix	0,92
030.				1			metalloproteinas	
	CTAAGTAGAGT	3,21	0,47	3,49	1 22	Hs.111301	e 2 (gelatinase A	0,92
899.	O IAAO IAOAO I	0,21	0,41	<u> </u>	1,00	118.111301	oxidative-stress	0,92
033.	İ						responsive 1	
	TTTTCTTCATT	3,21	0,47	3,61	1 36	Hs.95220	[Swisspro	0,89
900.	IIIIIIIIII	0,21	0,47	3,01	1,50	115.50220	hypothetical	0,09
300.							protein	
	,						FLJ22724	
	TGTGGGAGTAG	3,21	0,47	3,61	1.36	Hs.6783	[Swisspro	0,89
901.	101000/101/10	- 0,2 :	<u> </u>	0,01	1,00	110.07 00	coiled-coil	0,00
"	. `						protein BICD2	
	GAAAAGGAATA	3,21	0,47	3,61	1.36	Hs.330988		0,89
902.		-,					EST, Weakly	0,00
							similar to	
							B34087	
i	AAAAAATGCTC	3,21	0,47	3,61	1.36	Hs.311639	1	0,89
903.							ESTs	-,
	,			1			[Swissprot:	
	TAGTTGTGCCT	3,21	0,47	3,61	1,36	Hs.24370	none]	0,89
904.					-		ESTs	
						-	[Swissprot:	
	CAATAAACTGC	3,21	0,47	3,61	1,36	Hs.216038		0,89
905.	1	i .	.				KIAA0355 gene	
							product	
							[Swissprot:	
	GTTGGGCGTGG	3,21	0,47	3,61	1,36	Hs.186840	sp O1	0,89
906.							chloride channel	
							3 [Swissprot:	
	AAATTGTTGTG	3,21	0,47	3,61	1,36	Hs.174139		0,89
907.							ESTs, Weakly	
						•	similar to	
	ACCACACACAT	2 24	0.47	0.04	4.00	11. 40040	S57447 HPBRII-	
000	ACCAGAGACAT	3,21	0,47	3,61	1,36	Hs.16346	7	0,89
908.							dopamine	
				. 1			receptor	
-	ACTATTTAAAG	3,21	0.47	264	1 26	 Lio 12111	interacting	
909.	TOTATTIANG	ا ∠,د	0,47	3,61	1,30	Hs.13144	protein [0,89
303.						1	radical fringe	
							homolog	
	GAGGGAAATGG	3,21	0,47	3,74	1 04	Hs.12862	(Drosophila) [Sw	A 0.6
910.	3/1000////100	ا ۲٫۷ ا	U,41	3,14	1,94	113.12002	hypothetical	0,86
310.]	1			protein	
	GATGGGACCAT	3,21	0,47	3,74	1 40	Hs.46829	FLJ21868	0,86
	,	<u> </u>	V, 7 1	0,77	1,70	1110.70028	. 202 1000	0,00

							[Swisspro	
911.							dynein light chain 2 [Swissprot:	
	TGTATGTCGCA	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.343867	splQ96	0,86
912.	TCAGTGTATTA	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.334604	KIAA1870 protein [Swissprot: sp Q96IA8;	0,86
913.	GCAGCAGATAA	2 24	0.47	2.74	4.40	11- 204424	Homo sapiens cDNA FLJ31373	0.00
914.	GCAGCAGATAA	3,21	0,47	3,74	1,40	HS.201434	fis, clone NB hypothetical protein FLJ20375	0,86
915.	CCTCCTAAGAG	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.274251	[Swisspro	0,86
	TGATGTCTGCC	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.252514		0,86
916.	TTGAAATTGTA	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.21857	ESTs [Swissprot: none]	0,86
917.	AAAATAAAGCC	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.181022	CGI-07 protein [Swissprot; sp Q96D46;sp	0,86
918.	CGCACACACAT	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.172690	diacylglycerol kinase, alpha (80kD) [Sw	0,86
919.	TTAGGGAGAAA	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.135281	[Swissprot: none]	0,86
920.	GCTGTCTTTAA	3,21	0,47	3,74	1,40	Hs.108972	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434P228 (fr	0,86
921.	GCTCATTAAAG	3,21	0,47	3,81	1,97	Hs.112237	ESTs [Swissprot: none]	0,84
922.	GCACTTCAAAC	3,21	0,47	3,88		Hs.66191	topoisomerase (DNA) III beta [Swissprot	0,83
923.	CACCCTGTACA	3,21	0,47	3,88		Hs.25450	solute carrier family 29 (nucleoside tra	0,83
924.	TTTTTTGTAAG	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.97858	SH3-domain binding protein 1 [Swissprot	0,83
925.	TCTGTTTACCT	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.64691	KIAA0483 protein [Swissprot: sp O75070;	0,83
926.	CAAATGAATAA	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.58427	Homo sapiens cDNA FLJ31827 fis, clone NT	0,83
927.	TTTGTGGCTAT	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.285115		0,83
928.	AGATGTTTGGT	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.28338	KIAA1546 protein	0,83

							[Swissprot: sp Q9HCM6;	
929.							likely ortholog of	
323.		ļ					mouse TC10-	
	ТССААААААА	3,21	0,47	3,88	1.44	Hs.250697	alpha [Sw	0,83
930.					,		protein tyrosine	
							phosphatase	
	TTAATATTCTA	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.227777	type IVA, m	0,83
931.						1	keratin	
		İ					associated	
	CAAATAAAAAA	3,21	0.47	2 00	4 44	Us 227502	protein 4.2	0.00
932.	CAAATAAAAAA	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.227583	KIAA1102	0,83
932.						į	protein	
							[Swissprot:	
	ACATTTCCTTT	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.202949		0,83
933.							downstream	
1			•				neighbor of SON	
	GCATTGTGACT	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.17834	[Swissprot:	0,83
934.			-			ŀ	myosin VB	
				-			[Swissprot:	
	TTTCCAGCATT	3,21	0,47	3,88	1 44	Hs.172506	sp Q9H6Y6;sp Q	0,83
935.	TTTOCAGGATT	0,21	0,47	3,00	1,77	113.172300	succinate	0,00
							dehydrogenase	
	AATAAAAACTT	3,21	0,47	3,88	1,44	Hs.168289		0,83
936.							cathepsin K	······································
							(pycnodysostosi	
	TAAACTTGTAC	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.83942	s) [Swisspro	0,80
937.						:	CD6 antigen	
	GGCTCAGACCA	3,21	0,47	4,00	4 00	Hs.81226	[Swissprot:	0.00
938.	GGCTCAGACCA	0,21	0,47	4,00	4,00	115.01220	sp P30203;] fibulin 1	0,80
000.							[Swissprot:	
	[j					sp P23142;sp Q	
	TATTAAGCTGA	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.79732	9HB	0,80
939.		,					tyrosinase-	
		2.01					related protein 1	_
-	TTTTATACTGC	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.75219	[Swissprot	0,80
940.							small inducible	
	AGAGGAGGCAG	3,21	0,47	4,00	4 88	Hs.57907	cytokine subfamily A (Cy	0,80
941.	7.07.007.0007.0	0,21	0,77	7,00	7,00	110.07007	ESTs, Weakly	0,00
]	similar to	
	GCCATTCAAAA	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.347822	2109260A B cell	0,80
942.							EST [Swissprot:	
<u> </u>	GAATACTACTC	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.330165		0,80
943.							ESTs	
	TTAGTTCTTAG	3,21	0,47	4,00	4.00	He 222040	[Swissprot:	0.00
944.	LIVOLIOLIVA	ا 2,∠ ا	0,47	4,⊍∪	4,00	Hs.323949	none] keratin	- 0,80
	· I		1				associated	
	ATAACTTTGAG	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.307011	protein 9.8	0,80
945.	ATAACTTTGAG	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.307011	protein 9.8 [Swisspr zinc finger	0,80
							protein 9.8 [Swisspr zinc finger protein 222	
	ATAACTTTGAG TATATAATGTG AAAGCATCCCT	3,21 3,21 3,21	0,47 0,47	4,00 4,00 4,00	4,88	Hs.307011 Hs.279840 Hs.2785	protein 9.8 [Swisspr zinc finger protein 222	0,80 0,80

							[Swissprot: sp Q04695;sp Q	
947.							hypothetical protein	
					4.00		FLJ22195	
948.	СТТТТТТСТТ	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.25999	[Swisspro	0,80
	GGAATTTTATG	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.238126	CGI-49 protein [Swissprot: sp Q9Y363;]	0,80
949.			-				ESTs, Weakly similar to ALU4 HUMAN	
	CTTCAACAACC	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.22978	ALU S	0,80
950.	GATTCACTTCC	3,21	0,47	4,00	/ QQ	Hs.221970	ESTs [Swissprot: none]	0,80
951.	6/11/0/101/100	0,21		7,00	7,00	118.221870	Homo sapiens,	0,00
	TGAAAAATAAT	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.22015	Similar to RIKEN cDNA 1810	0,80
952.	TATTTATTGTG	3,21	0,47	4,00	4 88	Hs.19385	CGI-58 protein [Swissprot: sp Q8WTS1;sp	0,80
953.			3,71	4,00		113.10000	cathepsin S [Swissprot: splP25774;splQ	0,00
	CTTTTCAAAAA	3,21	0,47	4,00	4.88	Hs.181301	9 20774,80 Q	0,80
954.	CTTTOTOMATO						ESTs [Swissprot:	
955.	GTTTGTCAATG	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.163565		0,80
933.	ACACTTGTACA	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.148996	ESTs [Swissprot: none]	0,80
956.	CTTTACTGTCT	3,21	0,47	4,00		Hs.132105	EST [Swissprot:	
957.							EST [Swissprot:	0,80
	CTGGATGGGTT	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.122934		0,80
958.							hypothetical protein FLJ10461	
	AAATCTTGGTT	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.122579		0,80
959.	GATGGGATTGT	3,21	0,47	4,00	4 00	He 420005	Homo sapiens cDNA FLJ11448	0.00
960.	GAIGGGAIIGI	3,21	0,47	4,00	4,00	120905	fis, clone HE small inducible	0,80
							cytokine	
004	AAGGGATGCTG	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.11383	subfamily A (Cy	0,80
961.	CCTCATITICCC	3,21	- 0,47	4,00	4 88	He 100/30	osteoglycin (osteoinductive factor, mime	- 0,80
962.							cathepsin G [Swissprot:	0,00
963.	AGGAGGGAAC	3,21	0,47	4,00	4,88	Hs.100764	sp[P08311;] v-ets	0,80
	OTAATAAA GAG						erythroblastosis virus E26	
964.	GTAATAAACAG	3,21	0,47	4,03		Hs.85146	oncogen	0,80
504.	TATTTACTCTG	3,21	0,47	4,03	1,48	Hs.48778	chromosome 1	0,80

L	TTTTGCCTAAT	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.58103	anchor protein	0,73
980.							A kinase (PRKA)	
979.	GATCCAGGCTT	3,21	0,47	4,37	1.56	Hs.76272	retinoblastoma binding protein 2 [Swiss	0,73
070	TTAGAAACAGT	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.96867	cDNA: FLJ23155 fis, clone L	0,73
978.	TAAGTGACTGT	3,21	0,47	4,37	2,20	Hs.103755	ki Homo sapiens	0,73
977.				•	,		receptor- interacting serine-threonine	-,,,,
976.	TCATCTGCAAA	3,21	0,47	4,19	1.52	Hs.105189	ESTs, Weakly similar to POL2 MOUSE RETRO	0,77
975.	TCATACCATTG	3,21	0,47	4,19	1,52	Hs.111138		0,77
974.	TGGACAGAAAT	3,21	0,47	4,19		Hs.131887	Homo sapiens cDNA FLJ30089 fis, clone BN	0,77
973.	GAATTCCAGTT	3,21	0,47	4,19	1,52	Hs.235709	Homo sapiens mRNA for FLJ00257 protein	0,77
	TTAGCTGTTAA	3,21	0,47	4,19	1,52	Hs.24596	RAD51- interacting protein [Swissprot: s	0,77
971. 972.	TTGAGCTTATG	3,21	0,47	4,19	1,52	Hs.249163	fatty acid hydroxylase [Swissprot: sp Q	0,77
970.	GGCACTCCTGT	3,21	0,47	4,19	1,52	Hs.293815		0,77
969.	CAAGGTTTATA	3,21	0,47	4,19	1,52	Hs.48712	hypothetical protein FLJ20736 [Swisspro	0,77
968.	GAGACCTTCTT	3,21	0,47	4,19	1,52	Hs.62406	Homo sapiens, clone MGC:33901 IMAGE:5260	0,77
967.	AAAAAATAAAC	3,21	0,47	4,03	1,48	Hs.104926	ESTs [Swissprot: none]	0,80
966.	TGAAACAAGCA	3,21	0,47	4,03	.1	Hs.24752	spectrin SH3 domain binding protein 1 [0,80
965.	AGAAAGCAGTT	3,21	0,47	4,03	1 48	Hs.312785	EST, Weakly similar to B34087	0,80
							open reading frame 24 [Swi	

							(yotiao)	
981.							macrophage	
	TATTTATOO A G		0.47	4.07	4.50	115 00 40	stimulating 1	0.70
982.	TATTTATGGAG	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.2942	receptor (c-met ESTs, Weakly	0,73
70Z.							similar to	
							S65657 alpha-	
	AATCCCCATCC	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.262292	1C-	0,73
83.							mitogen-	
	TAATCTTGGGT	2 24	0.47	4,37	4 EG	Un 046070	activated protein kinase kinase	0,73
84.	TAATCTTGGGT	3,21	0,47	4,37	1,00	П5.240910	adenylate	0,73
<i>1</i> 0√.							cyclase 2 (brain)	
	CCAGCAGCACG	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.2352	[Świssprot:	0,73
85.							hypothetical	
							protein	
	GGTTTGTGGAC	3,21	0,47	4,37	1.56	Hs.23412	FLJ20160 [Swisspro	0,73
986.	GGTTTGTGGAG	0,21	0,71	7,01	1,00	113.20712	ariadne	0,10
							homolog,	
		_			_		ubiquitin-	_
	GACAAAGCAAG	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.181461	conjugating e	0,73
87.				-	:		interferon gamma receptor	
	TTTTTTAAAAA	3,21	0,47	4,37	1.56	Hs.177559	2 (interferon	0,73
88.	,						butyrophilin,	
							subfamily 2,	
	AATAAGCCAAT	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.169963		0,73
989.			·		:		Homo sapiens cDNA:	
	·						FLJ22586 fis,	
	GAAAACAAATC	3,21	0,47	4,37	1,56	Hs.13179	clone H	0,73
90.							PTPRF	
							interacting	
	GACACTCCCAC	3,21	0,47	4,37	1 56	Hs.12953	protein, binding prote	0,73
91.	0,00,0100000	0,21	0,47	7,07	1,00	113.12333	Homo sapiens,	0,73
							Similar to	
	AAAATAAAGCT	3,21	0,47	4,56	2,28	Hs.293818	hypothetical pr	0,70
92.							density-	
	CAAATTACAAT	3,21	0,47	4,56	2 22	Hs.22393	regulated protein [Swissprot: s	0,70
93.	SI VVII INOPULI	0,21	0,4,	7,00	2,20	1 10.22000	emopamil	0,70
							binding protein	ĺ
	TCTTTGTGGGC	3,21	0,47	4,56	1,61	Hs.75105	(sterol isomera	0,70
994.							Homo sapiens	
							cDNA: FLJ22563 fis,	
	TGAAAAATGCT	3,21	0,47	4,56	1.61	Hs.28355	clone H	0,70
95.			3,	,,,,,	1,01		likely ortholog of	3,.0
							mouse ubiquitin	
	ACTCAGCCCCC	3,21	0,47	4,56	1,61	Hs.26009	conju	0,70
996.						1	KIAA1468	
							protein [Swissprot:	
	TCAAAAATGTT	3,21	0,47	4,56	1.61	Hs.23542	sp Q96ES0;	0,70
997.		,	,				KIAA0527	J 3,. 0
	AAAATTGGGGG	3,21	0,47	4,56	1.61	Hs.196647		0,70

1		ł	Т	——- ₁			[Swissprot:	1
							sp O60279;	
998.							Homo sapiens	
		ľ					cDNA:	
						_	FLJ21449 fis,	
	GATCGTATGTT	3,21	0,47	4,56	1,61	Hs.18593	clone C	0,70
999.		1					ESTs	"
						*	[Swissprot:	
	CTGCCCTGGAA	3,21	0,47	4,56	1,61	Hs.111054	none]	0,70
1000.				İ			disabled	
							homolog 2,	
	CACTTTTCTGT	3,21	0,47	4,66	2 21	Hs.81988	mitogen- responsive p	0,69
1001.	CACTITICIST	3,21	0,47	4,00	2,31	115.01900	amylo-1, 6-	0,09
1001.				ŀ			glucosidase, 4-	
	TGAATTGTGAT	3,21	0,47	4,76	1.65	Hs.904	alpha-glucanot	0,67
1002.		-,		- 1,1 -	.,		lysosomal-	
				1			associated	
				- 1			membrane	
	CAAATAACAAG	3,21	0,47	4,76	1,65	Hs.8262	protein 2	0,67
1003.							ESTs, Weakly	
							similar to	
İ	TOAAATOTTTT	0.04	0.47	4 70	4.05	11- 5007	T02670	0.07
1004.	TGAAATGTTTT	3,21	0,47	4,76	1,65	Hs.5367	probable	0,67
1004.				:			Homo sapiens,	
1							MGC:20120	
	CAGCTTTGCTG	3,21	0,47	4,76	1 65	Hs 348490	IMAGE:3677	0,67
1005.	0.1001110010	0,21	- 0, 11		1,00	110:01010	EST [Swissprot:	0,01
	CAGCAATTAAA	3,21	0,47	4,76	1,65	Hs.326977	none]	0,67
1006.			-				ESTs, Weakly	
							similar to	
							KIAA0227	
<u></u>	TTATTGTTGCA	3,21	0,47	4,76	1,65	Hs.31704	[Swiss	0,67
1007.							chromosome 21	
	TOATTOAAGAG	204	0.47	4.70	4.05	11- 00450	open reading	0.07
1000	TCATTCAACAC	3,21	0,47	4,76	1,65	Hs.30156	frame 63 [Sw	0,67
1008.							Homo sapiens cDNA:	
							FLJ23371 fis,	
	AACAAGGTGAG	3,21	0,47	4,87	2.39	Hs.94952	clone H	0,66
1009.			-,,,	- 1,01			hypothetical	0,00
							protein	
							FLJ20045	
	GTAATAAAGCC	3,21	0,47	4,99	1,70	Hs.87293	[Swisspro	0,64
1010.							phospholipase	
	TTOOMAGOTO	ا ہے ا	0.47	4.00	4 70	112 75040	C, gamma 2	
1011.	TTCCAAACCTC	3,21	0,47	4,99	1,70	Hs.75648	(phosphatidylin Homo sapiens	0,64
1011.								
T	GGGTCCTTGAG	3,21	0,47	4,99	170	Hs.5722	cDNA FLJ32505 fis, clone SM	0,64
1012.		<u> </u>	0,77	7,55	1,70	1 10.01 22	likely ortholog of	
1012.							mouse tumor	
	TTAAGGGATGA	3,21	0,47	4,99	1.70	Hs.44208	necrosis-	0,64
1013.							Homo sapiens,	
							Similar to	
	GTTTTCTTTCT	3,21	0,47	4,99			hypothetical pr	0,64
1014.	TGTGGTTATCC	3,21	0,47	4,99	1,70	Hs.326445	v-akt murine	0,64
					-			

						•	thymoma viral	
							oncogene homo	
1015.		:	l	1			Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
	TTCACTTATGG	2 24	0,47	4,99	1 70	Hs.301152	DKFZp434F053	0.64
1016.	TICACTIATES	3,21	0,47	4,99	1,70	HS.301132	(fr vascular Rab-	0,64
1010.		İ					GAP/TBC-	
				1			containing	
	CTTTCAATGTT	3,21	0,47	4,99	1.70	Hs.164170		0,64
1017.		,					Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
				İ			DKFZp434E033	
	AAGGGACATTA	3,21	0,47	4,99	1,70	Hs.15740	(fr	0,64
1018.							ESTs, Weakly	
				İ			similar to	
							T20379	
1010	AAGGAATGAAT	3,21	0,47	4,99	1,70	Hs.108358		0,64
1019.							programmed cell	
	TAAACATCCTC	2 24	0.47	E 44	2 40	Hs.326248	death 4	0.00
1020.	TAAAGATCCTC	3,21	0,47	5,11	2,48	HS.320248	(neoplastic tran KIAA0874	0,63
1020.							protein	
							Swissprot:	
	AAAAACCCTTA	3,21	0,47	5,24	1.76	Hs.27973	sp O94951;	0,61
1021.		,		<u> </u>		110127070	ESTs	0,01
							[Swissprot:	
	GATGCTGATTA	3,21	0,47	5,24	1,76	Hs.26410	none]	0,61
1022.							four and a half	
							LIM domains 1	
	CAAGTTTCCAA	3,21	0,47	5,24	1,76	Hs.239069		0,61
1023.							tripartite motif-	
	TOTOTA 4 0 0 0 T						containing 14	
4004	TCTGTAAGGGT	3,21	0,47	5,24	1,76	Hs.179703	*	0,61
1024.						-	ESTs	
	GAATTTTTTAT	3,21	0,47	5,52	1 01	Hs.9887	[Swissprot:	0.50
1025.	GAATITIAL	3,21	0,41	3,32	1,01	118.9007	none] transcription	0,58
1020.							termination	
	AGAGAGAGA	3,21	0,47	5,52	1.81	Hs.54780	factor, RNA po	0,58
1026.				-,	.,		colon cancer-	
							associated	
	TTGCTTTTTTC	3,21	0,47	5,52	1,81	Hs.289080		0,58
1027.							hexokinase 2	
1	1						[Swissprot:	
	TCAGCAAGGGA	3,21	0,47	5,52	1,81	Hs.198427	sp P52789;sp Q	0,58
1028.							Homo sapiens	
							cDNA:	
					4.04	11- 404-1-	FLJ22562 fis,	A = -
1000	TAGATGTGATT	3,21	- 0,47	5,52	-1,81	Hs.131740		- 0,58
1029.							mitochondrial	
	AGTCCTAATGC	3,21	0,47	5,52	1,81	Hs.12094	ribosomal protein L30 [Sw	0.50
1030.	ASTOCIANIGO	ا ع,د ا	0,47	0,02	1,01	1115.12094	Homo sapiens	0,58
1000.							cDNA:	
							FLJ23271 fis,	
	TAATATGAGCA	3,21	0,47	5,52	1.81	Hs.105642	-	0,58
1				,,,	,		1	5,50
1031.	TACCTTTATTG	3,21	0,47	5,82	2,71	Hs.75761	SFRS protein	0,55

						1	I to the second	
							kinase 1	
							[Swissprot:	
4000						ļ	sp Q1	
1032.				*			hypothetical	
							protein	
							MGC4655	•
	TGCTGTTGCTG	3,21	0,47	5,82	2,71	Hs.55923	[Swissprot	0,55
1033.							CLIP-associating	
			-				protein 1	
	GCAAATGTACA	3,21	0,47	5,82	2,71	Hs.11238	[Swissprot:	0,55
1034.							hypothetical	
							gene BC008967	
	TACATAGTAAA	3,21	0,47	5,82	1 87	Hs.6349	[Swissprot:	0,55
1035.		-,-:		- 0,02	1,01	110.00-10	chromosome 9	0,00
	ACAGAAGCCAG	2 24	0.47	E 00	4.07	11- 00505	open reading	
4000	ACAGAAGCCAG	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.62595	frame 9 [Swis	0,55
1036.	ļ		,				KIAA1194	
							protein	
							[Swissprot:	
	TGTCTTCCGTC	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.5801	splQ9UG24;	0,55
1037.							ESTs, Weakly	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
							similar to	
•							ALU1 HUMAN	
	TAAACAGGTAA	3,21	0,47	5,82	1.87	Hs.5473	ALU S	0,55
1038.			,	0,02	1,07	110.0-170	KIAA1727	0,00
	1	1				'		
							protein	
	TACTTTAATAA	2 24	0.47	5.00	4.07		[Swissprot:	
4000	TAGTTTAATAA	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.319946		0,55
1039.							Homo sapiens	
							cDNA FLJ32393	
	AAGAAAAGAAG	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.299208	fis, clone SK	0,55
1040.		İ					hypothetical	
		ľ					protein	
		Ì				i	MGC13061	
	GGTGAGCTACT	3,21	0,47	5,82	1.87	Hs.29874	[Swisspro	0,55
1041.					.,		likely ortholog of	0,00
		Ì					mouse TC10-	
	GCCTTATGTAT	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.250697	1	0.55
1042.	COOTIATORA	0,21	0,77	3,02	1,07	FIS.230091		0,55
1042.						İ	mitochondrial	
	AACTACCTCCC	2 04	0.47	- 00	4.0=		ribosomal	
4042	AAGTAGCTGGC	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.23450	protein S25 [Sw	0,55
1043.							chromosome 20	
	<u>_ </u>	1					open reading	
	TCAATAAAGGT	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.184628	frame 36 [Sw	0,55
1044.		ŀ					zinc finger,	
			l	ľ			DHHC domain	
	TGTCTTTGTGT	3,21	0,47	5,82	1.87	Hs.14896	containing 3	0,55
1045.					.,	7.07.1000	hypothetical	0,00
							protein	
			į					
	ATAAACCTATT	3,21	0,47	5,82	4 07	La 14000	FLJ11040	
1046.	AIAAAOIAII	<u> </u>	0,41	0,02	1,0/	Hs.14202	[Swisspro	0,55
10 4 0.				İ			Homo sapiens,	
							clone	
				_			IMAGE:3618365	
	AAGTAAGTCTA	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.141693		0,55
4047			T	T			small inducible	
1047.								
1047.							cvtokine	
1047.	GACCCGCTGGG	3,21	0,47	5,82	1.87	Hs.131342	cytokine subfamily A (Cy	0,55

88

1048.		1		· · · · ·			ESTs	
1070.							[Swissprot:	
	GCAGGATCCAA	3,21	0,47	5,82	1,87	Hs.129349	none]	0,55
1049.	*	1					major	
	CCTGGGGTAAG	3,21	0,47	6,17	204	He 1000E0	histocompatibilit y complex, class	0.50
1050.	CCTGGGGTAAG	3,21	0,47	0,17	2,01	ITIS. 190203	Homo sapiens	0,52
1000.							cDNA FLJ13536	
	TAACCCCAAAT	3,21	0,47	6,17	2,81	Hs.11493	fis, clone PL	0,52
1051.						1	Homo sapiens	
	CTGCTTAAAGA	3,21	0,47	6,17	1,93	La 0042	EST from clone	0.50
1052.	OTOOTTAAAAA	0,21	0,47	0,17	1,93	Hs.9042	491476, full hypothetical	0,52
	·						protein	
							FLJ22167	
1053.	ATGTTTTGTAA	3,21	0,47	6,17	1,93	Hs.6853	[Swisspro	0,52
1003.							tripartite motif- containing 4	
	TGTACTTATTG	3,21	0,47	6,17	1.93	Hs.65736	Swisspro	0,52
1054.				-,.,	.,00		ESTs, Weakly	0,02.
							similar to	
	TCTGGACTTTT	2 24	0.47	6.47	4.00	 	A43932 mucin 2	0.50
1055.	TOTGGACTITI	3,21	0,47	6,17	1,93	Hs.50730	p adaptor-related	0,52
1000.	•						protein complex	
	GATTCCATACT	3,21	0,47	6,17	1,93	Hs.40368	1, sigma	0,52
1056.							Probe hTg737	
	TTAAACCTTGG	3,21	0,47	6,17	1,93	Hs.2291	(polycystic	0.50
1057.	1124001100	<u> </u>	0,47	0,17	1,93	П 5. ZZЭТ	kidney disease, gamma-	0,52
							aminobutyric	
							acid (GABA) A	
1058.	CCCCAATGCTT	3,21	0,47	6,17	1,93	Hs.22785	recepto	0,52
1000.			ŀ			Ì	adenylate cyclase 9	
							[Swissprot:	
	CCTAGAATCTG	3,21	0,47	6,17	1,93	Hs.20196	sp O605	0,52
1059.							MHC class I	
	ATGTTGTCAAT	3,21	0,47	6 17	1 02	Ho 1045	region ORF	ر جر ا
1060.		ا کرد	0,47	6,17	1,93	Hs.1845	[Swissprot: sp Q splicing factor,	0,52
				İ			arginine/serine-	
	TTCCTGTAAAA	3,21	0,47	6,17	1,93	Hs.11482	rich 11	0,52
1061.							HYA22 protein	
	TGAAACTGCAA	3,21	0,86	6,35	1 60	He 1/7/100	[Swissprot:	, ₅₄
1062.	I SAVAGE I GUAVA	ا کرت	0,00	0,35	4,63	Hs.147189	sp O15194;] lymphoblastic	0,51
							leukemia derived	
	GCAGAGCAGTC	3,21	0,47	6,35	2,86	Hs.46446	sequence	0,51
1063.							holocarboxylase	
	GGAGAATCCTT	3,21	0,47	6,55	1 00	Hs.79375	synthetase (biotin- [Swi	0.40
1064.	20,10,011	U,Z I	5,47	3,33	1,55	110./80/0	glutamic-	0,49
							oxaloacetic	
							transaminase 1,	
1065.	AGAAAAAAAC	3,21	0,47	6,55	1,99	Hs.597	sol	0,49
1005.	CTGAGAAGCGG	3,21	0,47	6,55	1 00	Hs.306647	Homo sapiens cDNA FLJ13395	0.40
L	O I OMORAGOGG	ا 2,4 ا	0,47	0,00	1,99	175.30004/	CDINA FEJ 13395	0,49

							fis, clone PL	
1066.							multimerin	
	CTTAAAAATAC	2 24	0.47	6.55	4.00	110 000407	[Swissprot:	0.40
1067.	CTTAAAAATAC	3,21	0,47	6,55	1,99	Hs.268107	sp Q13201;] ESTs	0,49
1007.							Swissprot:	
	ATGCTTTGGTT	3,21	0,47	6,55	1,99	Hs.24183	none]	0,49
1068.							ras responsive	
į	AACAGAGAATC	2 24	0.47	0.55	4.00	115 474040	element binding	0.40
1069.	AACAGAGAATC	3,21	0,47	6,55	1,99	Hs.171942	hepatocellular	0,49
1000.	,						carcinoma-	
	TTATTGTTAAA	3,21	0,47	6 ,5 5	1,99	Hs.12126	associated anti	0,49
1070.							WD40 protein	
							Ciao1	
	AGGCCTTCAGT	3,21	0,47	6,55	1 00	Hs.12109	[Swissprot: sp O7607	0,49
1071.		<u> </u>	<u> </u>	0,00	1,00	110.12.103	Homo sapiens	0,48
							cDNA FLJ25240	
10=5	TACCCCTTGAA	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.95834	fis, clone ST	0,46
1072.		•					KIAA1332	
							protein [Swissprot:	
	GACAAGAAACA	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.62767	sp Q9BRM0;	0,46
1073.							methyl-CpG	0,10
							binding domain	
1074.	CAATTTTATTA	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.6211	protein 1 [Sw	0,46
1074.							squamous cell carcinoma	
	CATTCATTGGT	3,21	0,47	6,99	2.06	Hs.58636	antigen recogniz	0,46
1075.							RB1-inducible	0,70
							coiled-coil 1	
1076.	TTTATTACAAA	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.50421	[Swissprot:	0,46
10/6.							Homo sapiens, clone	
							MGC:17624	-
	CCCCTGCCATA	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.40530	IMAGE:3855	0,46
1077.							ESTs, Weakly	
							similar to	
1	ACTACTTTTAG	3,21	0,47	6,99	2.06	Hs.324342	A43932 mucin 2	0.46
1078.	7.017.01117.0	0,21	0,47	0,00	2,00	118.024042	ESTs	0,46
							[Swissprot:	
10==	ACAAAGAAAA	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.309219	none]	0,46
1079.				1			Homo sapiens	
	GTTCTCTTGAT	3,21	0,47	6,99	2 UE	Hs.283643	cDNA FLJ11606	0.46
1080.	CITOTOTIOAT	U,Z I		0,99	2,00	175.203043	fis, clone HE mannosidase,	0,46
		ļ	· [alpha, class 1A,	
<u>.</u>	AGGTTTTCATA	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.25253	member 1	0,46
1081.		,	Ţ	I			phospholipase	
	TTGAATAAAAG	3,21	0,47	6,99	2 00	He 400404	A2, group IVB	
1082.	1100010000	<u>3,∠1</u>	0,47	0,89	∠,06	Hs.198161	(cytosolic) dual-specificity	0,46
				1			tyrosine-(Y)-	
	AGGACAATGCT	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.173135	phosphoryl	0,46
1083.	TTT00===						hypothetical	
L	TTTCCTTACAG	3,21	0,47	6,99	2,06	Hs.14891	protein	0,46

90

				·		ı ———	EL 104047	
l		}					FLJ21047 [Swisspro	
1084.							WD repeat	<u> </u>
1004.							domain 5B	
							[Swissprot:	
1	TTGTTGCAAAA	3,21	0,47	6,99	2.06	Hs.142395		0,46
1085.	1101100/4441	0,21	0,77	0,00	2,00	113.142000	KIAA0592	0,40
1000.							protein	
							Swissprot:	
	CTTAATACTAC	3,21	0,47	6,99	2.06	Hs.13273	sp Q9UG79;	0,46
1086.			5,17	0,00	2,00	110.10270	KIAA0335 gene	0,40
				i			product	
							[Swissprot:	
	GTGTTTAAAGA	3,21	0,47	7,49	2.13	Hs.29878	splO1	0,43
1087.				7,10			receptor-	0,10
							interacting	
						•	serine-threonine	
	ATGGAATGCTA	3,21	0,47	7,49	2,13	Hs.268551	ki	0,43
1088.							Homo sapiens,	
							clone	
		l					MGC:17921	
	TTTTGTATTTG	3,21	0,47	7,49	2,13	Hs.250705	IMAGE:3914	0,43
1089.				'			similar to	
		i					Unknown	
							(protein for	
L	GACTCCGAAGT	3,21	0,47	7,49	2,13	Hs.240767	MGC:1920	0,43
1090.		l					Homo sapiens	
					-		mRNA; cDNA	
							DKFZp667D101	
4004	GAGTCTAAGGG	3,21	0,47	7,49	2,13	Hs.23492	2 (f	0,43
1091.		İ		1			phosphodiestera	
	COTTCATTOTO	2 24	0.47	7 40	0.40		se 4D, cAMP-	0.40
1092.	GGTTGATTCTG	3,21	0,47	7,49	2,13	Hs.172081		0,43
1092.				ŀ			splicing factor,	
	CTAGGGCTCGG	3,21	0,47	7 40	0.42	Un 460075	arginine/serine-	0.40
1093.	CIAGGGCICGG	3,21	0,47	7,49	2,13	Hs.166975		0,43
1093.							syndecan 2	
	CCAAAAGTAAA	3,21	0,47	7,49	2 12	Hs.1501	(heparan sulfate proteoglycan	0.42
1094.	CONTROLIVE	<u> </u>	- 0,-7	1,43	2,13	113.1301	Homo sapiens	0,43
1007.							cDNA:	
		İ					FLJ22130 fis.	
	CATCTTATATT	3,21	0,47	7,49	2.13	Hs.146233		0,43
1095.		5,21	3,11	7,10		110.1110200	paxillin	0,40
		j	j				[Swissprot:	
							sp O14970;sp O	
	TGCCGTGTTGT	3,21	0,47	7,49	2.13	Hs.102497	1497	0,43
1096.			-,,,	-,			ESTs	5,70
-1							[Swissprot:	İ
	TTTTATTTCCA	3,21	0,47	8,00	8.34	Hs.93780	none]	0,40
1097.							serine (or	-1
		İ					cysteine)	
							proteinase	
	CTCTCCAAACC	3,21	0,47	8,06	3,28	Hs.151242		0,40
1098.							ESTs	·
		:					[Swissprot:	;
	GCATAGTTCTA	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.95612	none]	0,40
1099.	TGATGTCCTCC	3,21	0,47	8,06	2,21		hypothetical	0,40

	1	· · · · I	· · · · · I	·	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		protein	-
			İ		i		FLJ20445	
				l			[Swisspro	
1100.			•				novel C3HC4	
			Ì	l	i		type Zinc finger	
	ACTGTAAAAAA	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.318584	(ring finge	0,40
1101.							EST [Swissprot:	
	CCCCGCCTCCC	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.294864	none]	0,40
1102.							receptor	
			}				(calcitonin)	
							activity	
	AGCTTGTGGCC	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.25691	modifying	0,40
1103.	*						Rho GTPase	
							activating	
		ارم	0.47	ا م م م	0.04	050000	protein 6	0.40
4404	ATGAATAAAAA	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.250830	[Swissp	0,40
1104.			-				DKFZP586C132	
							4 protein	
	TCCACCCAGAT	3,21	0,47	0 00	2 24	⊔ ₀ 24442	[Swissprot: splQ9	0.40
1105.	TCCACCCAGAT	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.21143		0,40
1 105.							hypothetical	
							protein DJ667H12.2	
	CAGTTAAGTGA	3,21	0,47	8,06	2 21	Hs.21068	Swissp	0,40
1106.	CAGITAAGTGA	J,Z 1	0,47	0,00			Homo sapiens	0,40
1 100.						,	cDNA FLJ20042	
	AAGAAACCCTG	3,21	0,47	8,06	2 21	Hs.183861	fis, clone CO	0,40
1107.	74074400010	<u> </u>	0,47	0,00	2,21	113.100001	MBIP protein	0,40
' '''	,						Swissprot:	
	TAAATAAACAA	3,21	0,47	8,06	2 21	Hs.16755	sp Q96AS5;sp Q	0,40
1108.	17001170010701	<u> </u>	0,17	0,00	2,21	110.10700	protein tyrosine	0,40
100.	•						phosphatase,	
	TGTACCCCGCT	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.155975	receptor t	0,40
1109.			-,.,	5,00			ESTs	0,10
							[Swissprot:	
	TTGGGCGAATT	3,21	0,47	8,06	2.21	Hs.155560	none]	0,40
1110.			•				[Swissprot:	
	CTGTATGTTTA	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.128777	none]	0,40
1111.			·	•	·- · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		Homo sapiens,	
							Similar to RIKEN	
İ	TTTCTTGTAAA	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.124005	cDNA 5430	0,40
1112.							H-rev107-like	
							protein 5	
	GAGTGGAGAGG	3,21	0,47	8,06	2,21	Hs.12388	[Swissprot: sp	0,40
1113.							EST, Weakly	
1							similar to	
							2109260A B cell	
	GTAAAACCCCC	3,21	0,47	8,73	3,43	Hs.321388	g	0,37
1114.							BRG1-binding	
1							protein	
				_			ELD/OSA1	
<u></u>	TTAAGAATAAA	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.73287	[Swisspro	0,37
1115.							kallikrein 10	
1	TOTATOT: : -			<u>, </u>		l .	[Swissprot:	
4445	TGTATGTAAAT	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.69423	sp[O43240;]	0,37
1116.							KIAA0628 gene	
	TOTO 0 4 0 = 0 = 0	[product	
	TGTCCACTGTC	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.43133	[Swissprot:	0,37

						T	leniO7	
1117.							sp O7 Homo sapiens,	-
							clone	
	-						IMAGE:3884331	
1110	GACTGTCTCAT	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.29286	, mRNA,	0,37
1118.							TIA1 cytotoxic	
							granule- associated RNA	
	CAACCAAAAGC	3,21	0,47	8,73	2.30	Hs.239489		0,37
1119.							EST [Swissprot:	0,07
	AAATAGCTTAC	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.236650		0,37
1120.							hypothetical	
							protein BC011204	
	AAGTGGAAGCT	3,21	0,47	8,73	2.30	Hs.197680		0,37
1121.				- 0,10	2,00	110.107.000	hypothetical	0,57
į.							protein	
	OTTA COOLOTO	0.04	- 4 -				MGC2628	
1122.	GTTACCGAGTG	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.171637		0,37
1122.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA DKFZp434H201	
	AAGGTTAAGAA	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.15806	9 (f	0,37
1123.							neural precursor	
	TATOA A COA A C						cell expressed,	
1124.	TATCAAGCAAC	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.1565	develop	0,37
1124.							Homo sapiens, RIKEN cDNA	
							2310005G07	
	CAGCATAGGCA	3,21	0,47	8,73	2,30	Hs.122586		0,37
1125.							HP1-BP74	
	ATGAAATTCAA	2 04	0.47	0.50	0.00	07005	[Swissprot:	
1126.	ATGAAATTCAA	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.97925	sp[Q9UHY0;]	0,34
1120.							collagen, type XV, alpha 1	
	TAAGTGAACAT	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.83164	[Swissprot:	0,34
1127.						<u> </u>	mannose	
	TOCAGAGAAT	0.04					receptor, C type	, i
1128.	TGCAGAAGAAT	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.75182	1 [Swissprot:	0,34
1120.							metallo phosphoesteras	
							e [Swissprot:	
	CACGACAGTCC	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.348386	spi	0,34
1129.							ESTs, Weakly	-
							similar to	
	ТСТСТАААААА	3,21	0,47	9,53	2 20	Hs.314451	ALU1_HUMAN	
1130.		0,21	0,41	8,03	۷,39	115.514451	ALU S thiopurine S-	0,34
	-						methyltransferas	
	TGTTACCTGTA	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.296922	e [Swisspr	0,34
1131.							tumor protein,	
	TAGGGTTGTCT	2 24	0 47	0.50		LI- 070000	translationally-	
1132.	IAGGGTTGTCT	3,21	0,47	9,53	∠,39	Hs.279860	controlle	0,34
						,	ATP synthase, H+ transporting,	
	AATGTCATTGG	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.25	mitochond	0,34
1133.							Homo sapiens	-,
L	TAATAAAGCAC	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.18612	cDNA:	0,34
								

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

1130.	TACAACAGCAT	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.161002	absent in	0,31
1150.	TACAACTGTTTA	3,21	0,47	10,48		Hs.244621	none]	0,31
							[Swissprot:	
1149.			,				ribosomal protein S14	
1110	TTTTATATACC	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.26670	[Swisspro	0,31
				·		·	protein MGC17330	-
1148.				-,			hypothetical	-,
	GCTCATTTGAC	3,21	0,47	10,48	2.49	Hs.26703	transcription complex, subunit	0,31
1147.							CCR4-NOT	
	GATATAGAGAG	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.267038	FLJ22792 [Swisspro	0,31
							protein	
1146.	TATATTATGAC	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.302003	n group E hypothetical	0,31
							complementatio	
1145.	TGATTAAAACA	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.56205	[Swissprot: sp O Fanconi anemia,	0,31
				4.5			gene 1	
1144.	TTTTTTATAAT	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.5855	8 (f insulin induced	0,31
				40.40	. 0.40	11- 5055	DKFZp434D081	
1143.							Homo sapiens mRNA, cDNA	:
1112	ATAGTTTAGCA	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.106357	clone H	0,34
							FLJ22105 fis,	
1142.							Homo sapiens cDNA:	
4440	CTTTCTTAATA	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.120844	sp Q9	0,34
							[Swissprot:	
1141.							FOXJ2 forkhead factor	•
4111	ACTAAGTGCTA	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.132739	none]	0,34
1140.	ı						ESTs Swissprot:	
4440	CAGAACATCAG	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.151689	1 (f	0,34
							mRNA; cDNA DKFZp434A161	
1139.			,	•	-,		Homo sapiens	
	GTAAAACTCTG	3,21	0,47	9,53	2.39	Hs.15403	similar to hypothetical pr	0,34
1138.							ESTs, Weakly	
	AGGTCAGGAAT	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.156699	none]	0,34
1137.	TACTAAAATAA	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.158210	[Swissprot EST [Swissprot:	0,34
							MGC2555	
1 130.							hypothetical protein	
1136.	TGTAAACAATT	3,21	0,47	9,53	2,39	Hs.170040		0,34
							growth factor	
1135.	7.07.11.07.11.07.0	0,41	U, TI	0,00	۷,00	110.170007	platelet-derived	0,04
	AATATGATGAC	3,21	0,47	9,53	2 30	Hs.170087	receptor [Swissprot: s	0,34
1134.							aryl hydrocarbon	
							clone H	
							FLJ21909 fis,	

1152. 1153. 1154.	CTGATATGATA ITACAAATGCA AGTACGTAAAA	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.13298	melanoma 1 [Swissprot: sp Q9Y KIAA0205 gene product [Swissprot: sp Q9	0,31
1152. 1153. 1154.	TTACAAATGCA	3,21			2,49	Hs.13298	sp Q9Y KIAA0205 gene product [Swissprot: sp Q9	0,31
1152. 1153. 1154.	TTACAAATGCA	3,21			2,49	Hs.13298	KIAA0205 gene product [Swissprot: sp Q9	0,31
1152. 1153. 1154.	TTACAAATGCA	3,21			2,49	Hs.13298	product [Swissprot: sp Q9	0,31
1152. 1153. 1154.	TTACAAATGCA	3,21			2,49	Hs.13298	[Swissprot: sp Q9	0,31
1152. 1153. 1154.	TTACAAATGCA	3,21			2,49	Hs.13298	sp Q9	0,31
1152. 1153. 1154.	TTACAAATGCA	3,21			2,43	115.13250		0,013
1153. 1154.			0,47	10.15		1	ESTs, Weakly	
1153. A 1154.			0,47	40.55			similar to	
1153. A 1154.			0,47	4			R5HU7A	
1154.	AGTACGTAAAA		•	10,48	2.49	Hs.121276		0,31
1154.	AGTACGTAAAA			,			hypothetical	0,01
1154.	AGTACGTAAAA						protein	
1154.	AGTACGTAAAA						FLJ10517	
		3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.121028		0,31
							H.sapiens gene	
						,	from PAC 747L4	
1155.	AATACAAACCT	3,21	0,47	10,48	2,49	Hs.119254	[Swisspro	0,31
							chondroitin	
							beta1,4 N-	
l I,	A A TOO A A COTO						acetylgalactosa	
	AATGGAAGGTG	3,21	0,47	11,03	3,84	Hs.11260	min	0,29
1156.							carboxypeptidas	
	GGCTGCGGAGG	2 24	0.47	44.05	0.50	11- 70000	e Z [Swissprot:	
1157.	GGCTGCGGAGG	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.78068	sp O0052	0,28
137							FK506 binding	
	GAACAAATGGG	3,21	0,47	11,65	2.50	Hs.7557	protein 5	
1158.	0,0,0,0,0,0	0,21	0,71	11,00	2,59	F18.7337	[Swissprot: sp hypothetical	0,28
							protein	
		1					FLJ12154	
4	AGGCCTTCTTG	3,21	0,47	11,65	2.59	Hs.6839	[Swisspro	0,28
1159.				,,00	2,00	110.0000	Homo sapiens	0,20
-	:						cDNA FLJ31204	
I	TAAATGGATAA	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.57876	fis, clone KI	0,28
1160.							PTK6 protein	
							tyrosine kinase 6	İ
	CCACAGAAATA	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.51133	[Swisspr	0,28
1161.	*	1					hypothetical	
							protein	
							FLJ21615	
	CCACTGTACAT	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.44159	[Swisspro	0,28
1162.							laminin receptor	
,	A OTTOTA OTTO	0.04		44.0-		[1 (67kD,	ļ
1163.	AGTTGTACTTC	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.334822	ribosomal prot	0,28
103.							nascent-	
		l					polypeptide-	
	TCCCAAGCAAA	3,21	0,47	11,65	2.50	Hs.32916	associated	0.00
1164.		ا کرں	∪, + 1	11,00	2,09		complex a	0,28
		* 41 *					peroxisomal membrane	
t l							protein 4 (24kD)	
	CAGACCCTCCC	3,21	0,47	11,65	2.59	Hs.241205	[0,28
1165.		-,	-,,,,	, 50	,00		ESTs	0,20
							[Swissprot:	
	GAATTGAATAA	3,21	0,47	11,65	2.59		none]	0,28
1166.		,	,				ESTs	- 5,20
	GATTTTTGTAA	3,21	0,47	11,65	2.59	Hs.13021	[Swissprot:	0,28

			1	. 1		<u> </u>	none]	
1167.							EST [Swissprot:	
1107.	TAGAAGCTTCC	3,21	0,47	11,65	2 59	Hs.125608		0,28
1168.	IAGAAGOTTOO	0,21	0,77	11,00	2,03	113.123000	Homo sapiens,	0,20
1100.							Similar to	
	TAGCAATGTTC	3,21	0,47	11,65	2.59	Hs.11700	hypothetical pr	0,28
1169.			-,	,			heparan sulfate	0,20
							(glucosamine) 3-	
	TGAAATAAAAA	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.115830		0,28
1170.							lipoyltransferase	
							[Swissprot:	
	TCCACAAGACC	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.112356	sp Q9Y234	0,28
1171.				-			SAR1 protein	
							[Swissprot:	
	GGAATTCCTAT	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.110796	sp Q9NR31;]	0,28
1172.							Ste20-related	
							serine/threonine	
	AAAAATAAAGT	3,21	0,47	11,65	2,59	Hs.105751		0,28
1173.							hypothetical	
							protein	
	404444400		0.47	40.40	0.74		DKFZp434G092	
1474	AGAATAAAGCT	3,21	0,47	13,10	2,71	Hs.98564	0 [Swi	0,25
1174.							aryl hydrocarbon	
	TOCATATTTOT	0.04	0.47	40.40	0.74	74545	receptor nuclear	
4475	TGGATATTTCT	3,21	0,47	13,10	2,71	Hs.74515	transl	0,25
1175.							kelch-like 3	ļ
	TTCTAATTTCC	2 24	0.47	42.40	0.74	7000	(Drosophila)	0.05
1176.	TTCTAATTTCC	3,21	0,47	13,10	2,71	Hs.7388	[Swissprot: s	0,25
1170.	GCTGAAAAAA	3,21	0.47	12 10	2 74	Un 004604	EST [Swissprot:	0.05
1177.	GCTGAAAAA	3,21	0,47	13,10	2,/ 1	Hs.284681		0,25
' ' ' '		,		ŀ			ESTs	
,	TAATAAATGTG	3,21	0,47	13,10	2 71	Hs.282589	[Swissprot: none]	0,25
1178.	1700170001010	0,21	0,-1	10,10	2,11	113.202003	ESTs	0,20
' ' ' ' '							[Swissprot:	
	GТGGTTCGTGC	3,21	0,47	13,10	2 71	Hs.275497	none	0,25
1179.	,	<u> </u>	0,11	10,10		110.27 0407	Homo sapiens	0,20
' ' ' '		l		-			mRNA; cDNA	
							DKFZp434l1610	
	TTATTCTTTT	3,21	0,47	13,10	2.71	Hs.270950		0,25
1180.				,			ESTs	0,20
		l					[Swissprot:	i
	AGAGACCCTGA	3,21	0,47	13,10	2,71	Hs.263351	none]	0,25
1181.							transcription	****
							factor Dp-2 (E2F	
	TGCATTAAATA	3,21	0,47	13,10	<u>2,</u> 71	Hs.19131	dimerizat `	0,25
1182.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	ł
1							DKFZp434G043	
	TTAATAAACTC	3,21	0,47	13,10	2,71	Hs.168762	(fr	0,25
1183.		-]			ESTs	
							[Swissprot:	
<u> </u>	TATTGATTGTA	3,21	0,47	13,10	2,71	Hs.154150		0,25
1184.							ESTs]
	T000440						[Swissprot:	
4405	TGCCAACTTTT	3,21	0,47	13,10	2,71	Hs.103441		0,25
1185.	COTOCOCOTO			, ,			aquaporin 5	
Ц	CGTGGGGCTGC	3,21	0,47	14,97	4,37	Hs.298023	[Swissprot:	0,21

							nonol I	
1186.							none]	
1100.	GTTTCTCTCTG	3,21	0,47	14,97	2.05	Un EEO	EST [Swissprot:	0.04
1187.	GILICICICIG	3,21	0,47	14,97	2,00	Hs.552	none] chromosome 20	0,21
1107.		1					open reading	
	CAACAGCCCCA	3,21	0,47	14,97	2,85	Hs.302110	frame 60 [Sw	0,21
1188.							Homo sapiens	
		,					cDNA FLJ12075	
	GCTCACTGCAC	3,21	0,47	14,97	2,85	Hs.296692		0,21
1189.							hypothetical	
							protein	
	CTGTTACTTTT	3,21	0,47	14.07	2.05	No 2000E7	FLJ22242	0.04
1190.	CIGITACITI	ا ع,د	0,47	14,97	2,00	Hs.288057	[Swisspro EST [Swissprot:	0,21
1190.	GCAAAAAGAAA	3,21	0,47	14,97	2.85	Hs.257382		0,21
1191.		0,21	0,77	14,37	2,00	113.207302	lymphocyte	0,21
		ŀ					cytosolic protein	
	TTGAGATAACT	3,21	0,47	14,97	2,85	Hs.2488	2 (SH2 doma	0,21
1192.							Dmx-like 1	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
							[Swissprot:	
	CAGAAACTTTA	3,21	0,47	14,97	2,85	Hs.181042	sp[Q9Y485;]	0,21
1193.							KIAA1283	
							protein	
	CAGTTGTGGGA	3,21	0,47	14,97	2.85	Hs.120866	[Swissprot: sp Q9ULD7;	0.24
1194.	O'NOTTO TOOOK	- 0,21	0,77	17,31	2,00	115.120000	ESTs	0,21
							[Swissprot:	
	CTATGATGTCA	3,21	0,47	14,97	2,85	Hs.12030	none]	0,21
1195.			-				ribosomal	
			İ				protein, large P2	
	GGATTTTGGCC	3,21	0,47	14,97	2,85	Hs.119500		0,21
1196.	A T.O. A T.O. T.O.O.	0.04		44.0-			[Swissprot:	
1197.	ATGAATCTTCC	3,21	0,47	14,97	2,85	Hs.116122	none]	0,21
1197.	-						Homo sapiens	
ĺ	CAAGATCATAG	3,21	0,47	17,47	2 00	Hs.84522	cDNA FLJ31842 fis, clone NT	0,18
1198.	S/ V (S/ (1 O/ (1 / (S	0,21	0,77	11,71	2,33	113.04322	serine protease	0,10
							inhibitor, Kazal	
	AGGGAAAAAAT	3,21	0,47	17,47	2,99	Hs.331555		0,18
1199.			1				selenoprotein P,	
ĺ							plasma, 1	
1000	TGTGATAGTAA	3,21	0,47	17,47	2,99	Hs.3314	[Swissprot:	0,18
1200.							hypothetical	
ĺ							protein	
	GTATAAAAAAA	3,21	0,47	17,47	2 00	Hs.27337	FLJ20623 [Swisspro	0.40
1201.	CIXIIVOUVU	0,21	0,47	11,71	2,33	115.27557	hypothetical	0,18
							protein	
							BC013995	
	AGGACAAAAA	3,21	0,47	17,47	2,99	Hs:250700		0,18
1202.							integral	
							membrane	
ĺ							protein 2B	
l	TACTATTATCT	3,21	0,47	17,47	2,99	Hs.239625		0,18
	1	 					ESTs	
1203.	j l						IC	
1203.	ATACTTCTCCA	3,21	0,47	17,47	3 DD	Hs.178379	[Swissprot: none]	0,18

ACAGCAAGATA 3,21 0,47 17,47 2,99 Hs.102308 channel, s 0 hypothetical protein FLJ14621 [Swisspro 0] 206. GAGGGTCCTGT 3,21 0,47 17,47 2,99 Hs.10056 [Swisspro 0] TAAAATAAGGG 3,21 0,86 19,96 8,25 Hs.169487 fibrosarcoma on 0 phospholamban [Swissprot: garage of the color of the co	1204.						<u> </u>	notoccium	
ACAGCAAGATA 3,21 0,47 17,47 2,99 Hs.102308 channel, s 0 1205.	1204.							potassium	
ACAGCAAGATA 3,21 0,47 17,47 2,99 Hs.102308 channel. s 0 hypothetical protein FLJ14621 Swissprot 1206.									
GAGGGTCCTGT 3,21 0,47 17,47 2,99 Hs.10056 Swisspro 0		ACAGCAAGATA	3,21	0,47	17,47	42,99	Hs.102308		0,18
CAGGGTCCTGT 3,21	1205.							hypothetical	
GAGGGTCCTGT 3,21									
1206.		CACCOTOCTOT	2 24	0.47	47.47	0.00	11 40050		0.40
TAAAATAAGGG 3,21 0,86 19,96 8,25 Hs.169487 fibrosarcoma on 0 0 0 0 0 0 0 0 0	1206	GAGGGTCCTGT	3,21	0,47	17,47	2,99	HS.10056		0,18
TAAAATAAGGG 3,21	1200.		j		:				
TAAAATAAGGG 3,21 0,86 19,96 8,25 Hs.169487 fibrosarcoma on phospholamban Swissprot: spiP26678;] 0,47 20,96 3,16 Hs.85050 ESTs, Weakly similar to TRIY_HUMAN TRICH 1209.								otic	
GGGGTTAGGGG		TAAAATAAGGG	3,21	0,86	19,96	8,25	Hs.169487		0,16
GGGGTTAGGGG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.85050 Sp P26678;] 0	1207.							phospholamban	
1208. CTCTTACATCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.84520 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TRICH TRICH 0 TRHY_HUMAN TRICH TR		00007740000							
CTCTTACATCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.84520 TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TRHY_HUMAN TATATTTGTAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.29159 Swissprot Swissprot Swissprot Swissprot Swissprot Swissprot Swissprot Swissprot Tatattattatatatatatatatatatatatatatatat	1200	GGGGTTAGGGG	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.85050		0,15
CTCTTACATCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.84520 TRHY_HUMAN TRICH 0 2 2 2 2 2 2 2 2 2	1206.		*						
CTCTTACATCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.84520 TRICH 0 2 2 2 2 2 2 2 2 2								1	
1209.		CTCTTACATCT	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.84520		0,15
CATTTATATCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.29159 CSC6 CSWissprot CSC6 CSWissprot CSC6	1209.							zinc finger	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
GATTTATATCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.29159 [Swisspro 0 1210.									
TATATTTGTAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.210262		CATTTATATAT	2 24	0.47	20.00	0.40	11- 00450		0.45
GAGAGGCCCTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.284171 splQ9BWQ2; 0 ribosomal protein S14 [Swissprot: splQ9BWQ2; none] 0 rotein S14 [Swissprot: none] 0 tetraspan 2 [Swissprot: splQ60636;splQ cCAAGGCACTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.234863 8 0 ESTs, Weakly similar to HSS2_HUMAN TATATTTGTAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.210262 HEPAR 0 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp434C201 6 (ff 0) TGATTGTGCCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0) Homo sapiens cDNA FLJ30912 fis, clone FE 0 delodinase, iodothyronine, type II [Swissprot: splO60636;splQ 0] 1217. TGATTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0 delodinase, iodothyronine, type II [Swissprot: SplCAGAGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swissprot: SplCAGAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0, ESTs, Weakly similar to TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 0	1210	GATTIATATO	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.29159		0,15
GAGAGGCCCTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.284171 splQ9BWQ2; 0 ribosomal protein S14 [Swissprot: none] 0 1212.	1210.								
CAGAGGCCCTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.284171 sp Q9BWQ2; 0 1211.									
1211.		GAGAGGCCCTG	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.284171		0,15
TAATAAAAAA 3,21	1211.							ribosomal	
TAATAAAAAA 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.244621 none] 0 tetraspan 2 [Swissprot: sp O60636;sp Q CCAAGGCACTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.234863 8 0 ESTs, Weakly similar to HSS2_HUMAN TATATTTGTAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.210262 HEPAR 0 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZP434C201 6 (f 0 0 0 0 0 0 0 0 0									
1212. tetraspan 2 Swissprot: sp O60636;sp Q CCAAGGCACTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.234863 8 0			2 21	0.47	20.06	2.40	115 044004		0.45
CCAAGGCACTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.234863 8 0	1212	1001000000	3,41	0,47	20,90	3,10	⊓S.2440Z1		0,15
CCAAGGCACTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.234863 8 0									
CCAAGGCACTG 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.234863 8 0									
TATATTTGTAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.210262 HEPAR 0, 1214. TGATTGTGCCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0, 1215. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0, 1216. ATGCTAAGAGT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 fis, clone FE 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swi 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218.		CCAAGGCACTG	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.234863		0,15
TATATTTGTAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.210262 HEPAR 0 1214. TGATTGTGCCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0 1215. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0 Homo sapiens cDNA FLJ30912 fis, clone FE 0 deiodinase, iodothyronine, type II [Swi 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swi 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0,1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0,1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,1218.	1213.								
TATATTTGTAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.210262 HEPAR 0 1214. TGATTGTGCCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0 1215. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0 1216. ATGCTAAGAGT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swi 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0,1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,1218.									
1214. TGATTGTGCCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0) TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0,1216. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swi 0,1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0,1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,1218.		TATATTTGTAC	3.21	0.47	20.96	3 16	Hs 210262		0,15
TGATTGTGCCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0, 0) 1215. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0, deiodinase, iodothyronine, type II [Swi 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218.	1214.				20,00		110.2 10202		0,13
TGATTGTGCCT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.17110 6 (f 0) 1215. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0, deiodinase, iodothyronine, type II [Swi 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0,1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,1219.									
1215. TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0, deiodinase, iodothyronine, type II [Swi 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0,1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,100 pro 0,100 pro 10,100 pro									
TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0, deiodinase, iodothyronine, type II [Swi 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0,1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,100 pro	1015	TGATTGTGCCT	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.17110		0,15
TGATTTGTAAT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.16443 fis, clone FE 0, deiodinase, iodothyronine, type II [Swi 0, 1217. ESTs [Swissprot: none] 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0, 1218. ESTs, Weakly similar to TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218 TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218 TCTGCAGGGCC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218 TCTGCAGGGCC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218 TCTGCAGGGCC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218 TCTGCAGGCC 1218 TCTGCAGGCCC 1218 TCTGCAGGCCC 1218 TCTGCAGGCCC 1218 TCTGCAGGCCC 1218 TCTGCAGGCCC 1218 TCTGCAGGCCC 1218 TCTGCAGCCCC 1218 TCTGCAGCCCC 1218 TCTGCAGCCCCC 1218 TCTGCAGCCCCCCCCCC 1218 TCTGCAGCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCCC	1215.								
1216. ATGCTAAGAGT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swi 0, 1217. CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218.		TGATTTGTAAT	3.21	0.47	20.96	3 16	Hs 16443		0,15
ATGCTAAGAGT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swi 0,1217.	1216.					0,10	110.10-10		0,13
ATGCTAAGAGT 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.154424 type II [Swi 0, 1217.									
CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 [Swissprot: none] 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0, 1218.		ATGCTAAGAGT	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.154424		0,15
CTCAATTAAAC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.129188 none] 0, 1218. TCTGCAGGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,	1217.								
1218. ESTs, Weakly similar to TCTGCAGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,		CTCAATTAAAC	2 24		20.06	2.40	He 400400		2
TCTGCAGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,	1218	O I DANI I MANG	ا 2,2	0,47	20,90	3,16	⊓S.129188		0,15
TCTGCAGGGC 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.124103 S63665 titin pro 0,	12.10.								
		TCTGCAGGGGC	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.124103		0,15
1219. spinal cord-	1219.								-,
derived growth			_					derived growth	İ
AAAAATAAATA 3,21 0,47 20,96 3,16 Hs.112885 factor-B [Sw 0,	L	AAAAATAAATA	3,21	0,47	20,96	3,16	Hs.112885	factor-B [Sw	0,15

1220.		i					haldaaa karralaad	
1220.							hairless homolog (mouse)	
	ATTTCCATTAA	3,21	0,47	26,20	5 28	Hs.272367	[Swissprot: sp	0,12
1221.		- 0,21		20,20	0,20	110.272007	dynactin 2 (p50)	0,12
							[Swissprot:	
	AGGTCCAAGAG	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.84153	sp Q13561;	0,12
1222.							transgelin	
		*					[Swissprot:	
							sp Q01995;sp Q	
1000	GTCTTCAAGCA	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.75777	96	0,12
1223.							CD36 antigen	
	TCTAGCCACTG	3,21	0,47	26,20	2.26	Hs.75613	(collagen type I	0.40
1224.	TOTAGCCACTG	3,21	0,47	20,20	3,30	П8.73013	receptor, dynein,	0,12
1227.							cytoplasmic,	
,							intermediate	
	CATCTTGTTTT	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.66881	polype	0,12
1225.							Homo sapiens	
							cDNA FLJ32493	
	ATGAACCCCCT	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.5011	fis, clone SK	0,12
1226.							protein	
							phosphatase 4	
	CTATTCAATCC	2 24	0.47	00.00	2.00	11- 004740	regulatory	0.40
1227.	CTATTGAATGC	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.324743		0,12
1227.							ESTs, Highly similar to	
ł	ATTTAGGACTG	3,21	0,47	26,20	3.36	Hs.20474	S17112 interfero	0,12
1228.	711111001010		0,47	20,20		113.20474	BCL2-	0,12
			-				associated	
							athanogene 4	
	TGTAATTATAG	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.194726	[Swissprot	0,12
1229.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
	04074007474	0.04					DKFZp564F112	
1230.	CAGTAGCTATA	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.166361	(fr	0,12
1230.		:					thymic stromal	
	GGAGAACTCAA	3,21	0,47	26,20	3 36	Hs.155772	co-transporter [Swisspro	0,12
1231.	CO/10/10/0/11	0,21	0,71	20,20	3,30	113.100112	insulin-	U, 1Z
'							degrading	
							enzyme	
	CCTCTTAAATA	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.1508	[Swissprot: sp	0,12
1232.							ESTs, Weakly	
							similar to	
	AAAAAAAAA	0.04	0.47	00.00			Z177_HUMAN	
1233.	AAAAAGCCTTC	3,21	0,47	26,20	3,36	Hs.124935	ZINC	0,12
1233.							ESTs	
	CACACTGTGAT	3,21	0,47	26,20	3 36	Hs.110406	[Swissprot: none]	0,12
1234.	2.10,1010,11	<u> </u>	<u> </u>	20,20	0,00	113.110-100	reticulon 4	0,12
							[Swissprot:	-]
							sp Q96B16;sp Q	
	AAATGCCACAC	-3,11	0,77	-4,30	1,75	Hs.65450	9	0,72
1235.							serine protease	
					_		inhibitor, Kunitz	
1000	GCCTGCAGTCT	-3,11	0,77	-5,68	2,72	Hs.31439	type,	0,55
1236.	ACAAACTTAGG	اريما	c ==	0.40		4=====	calmodulin 1	
L	ACAAACTTAGG	-3,11	0,77	-6,49	3,31	Hs.177656	(phosphorylase	0,48

o	1
,	i

	T							
400=							kinase, delt	
1237.							metallothionein	
	GATCCCAACTG	244	0.77	40.05	7.00		2A [Swissprot:	
1238.	GATCCCAACTG	-3,11	0,77	-12,35	7,83	Hs.118786		0,25
1200.							cytochrome c	
	CTGGCTGCAAA	-3,32	1,18	-3,28	1.62	Hs.1342	oxidase subunit	4 04
1239.		0,02	1,10	-0,20	1,02	115.1342	Vb [Swissp eukaryotic	1,01
	GGGGCAGGGC						translation	
	С	-3,32	1,18	-7,89	6,52	Hs.119140	initiation factor	0,42
1240.							tyrosine 3-	
							monooxygenase	
1044	TCAATCAAGAT	-3,73	1,03	-4,22	1,69	Hs.75544	/tryptophan 5-mo	0,88
1241.	-						proteasome	
						_	(prosome,	
	CGGCTGGTGAA	-3,73	1,03	-4,27	172	Ho 75740	macropain)	
1242.	333313313741	-0,70	1,00	-4,21	1,73	Hs.75748	subunit,	0,87
1 - 1 - 1							transforming growth factor	
	TTCTCTACACA	-3,73	0,6	-5,84	1.39	Hs.114360	beta-stimulat	0,64
1243.		,				1.07.1.1000	calumenin	0,04
							[Swissprot:	
							sp O43852;sp Q	
4044	GCTTACCTTTC	-3,73	0,6	-6,62	1,68	Hs.7753	96R	0,56
1244.	*						GPAA1P anchor	
	GGCCCCGGACC	-3,73	0.6	6.64	4.00	11. 4740	attachment	
1245.	GGCCCCGGACC	-3,73	0,6	-6,64	1,69	Hs.4742	protein 1 homol	0,56
0.							ubiquinol- cytochrome c	
							reductase core	
	TTCTGGCTGCG	-3,73	0,6	-7,04	1,84	Hs.119251	pr	0,53
1246.							CGI-69 protein	0,00
	TOTO 0 4 0 0 4 4 5	[[Swissprot:	
10.17	TCTCCAGGAAC	-3,73	0,6	-7,40	1,97	Hs.237924	sp[Q9BZJ4;]	0,50
1247.		ŀ					WW domain	
	AAGTGAGGAGA	-3,73	0,6	7 40	4.07	11- 004040	binding protein 2	
1248.	/ NOTO/ NOOAOA	-5,75	0,0	-7,40	1,97	Hs.231840		0,50
			-				actin related protein 2/3	
	ACAAACTGTGG	-3,73	0,6	-8,76	2.49	Hs.90370	complex, subun	0,43
1249.			-				heat shock 90kD	0,40
							protein 1, beta	
1050	GGCTCCCACTG	-3,73	0,6	-18,39	6,34	Hs.74335	[Swissp	0,20
1250.							hypothetical	
							protein	
	TGGTTTGCGTA	-4	0,75	-7,67	1 26	Ua 6450	FLJ11856	
1251.	TOOTTIOOUTA		0,73	-7,07	1,30	Hs.6459	[Swisspro	0,52
			ĺ				ring finger protein 7	
	W W A					~ ~ ~	[Swissprot:	
	CTTATGGTTGA	-4	0,75	-7,71	1,37	Hs.14084	splQ9	0,52
1252.							tyrosine 3-	
	OTTITION OF THE						monooxygenase	
1050	CTTTTCAGCAA	-4	0,75	-7,82	1,39	Hs.79474	/tryptophan 5-mo	0,51
1253.					1		dentatorubral-	
1	CCCAACCCCTG	-4	0,75	-7,82	امما		pallidoluysian	
		4	บ./อโ	-1.02	1.491	ms 1694881	atrophy (at	0,51
1254.	AATCCAGGAGG	-4	0,75	-8,36			hypothetical	0,48

100

TTAAGAGGGGG	ein 0,46 n 0,44 : 0,44 : 3;s 0,42 nzyme se, 0,42 uence 7 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
1255.	ein 0,46 n 0,44 : 0,44 : 3;s 0,42 nzyme se, 0,42 uence 7 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
1255. TTAAGAGGGGG -4 0,75 -8,62 1,56 Hs.243886 (his karyopheri (importin) I (impor	ein 0,46 n 0,44 : 0,44 : 3;s 0,42 nzyme se, 0,42 uence 7 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
TTAAGAGGGGG	ein 0,46 n 0,44 : 0,44 : 3;s 0,42 nzyme se, 0,42 uence 7 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
TTAAGAGGGGG -4 0,75 -8,62 1,56 Hs.243886 karyopheri (importin) I (his karyopheri (importin) I (mportin	ein 0,46 n 0,44 : 0,44 : 3;s 0,42 nzyme se, 0,42 uence 7 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
TTAAGAGGGGG -4 0,75 -8,62 1,56 Hs.243886 (his karyopheri (importin) I	0,46 n peta 1 0,44 : 3;s 0,42 nzyme se, n, 0,42 uence 0,40 ucono :: s 0,40
Raryopheri (importin) Rary	n
GTACTGTATGC	0,44 : 0,44 : 3;s
GTACTGTATGC	0,44 : 3;s 0,42 nzyme se, n, 0,42 uence 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
1257. HSPC141 protein [Swissprot sp Q9H0Y 1258. CTGTGCTCGGA	: 3;s 0,42 nzyme se, 0,42 uence 0,40 ucono :: s 0,40
Protein Swissprot Sp Q9H0Y	3;s 0,42 nzyme ie, n, 0,42 uence / 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
GCCTATGGTCC	3;s 0,42 nzyme ie, n, 0,42 uence / 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
GCCTATGGTCC	3;s 0,42 nzyme ie, n, 0,42 uence / 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
1258. enoyl Coe A hydratas short chair ems1 seque (mammary tumor and squamou lactonase GGGCTGGCCC -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.347529 GTCTGACCCCA -4 0,75 -10,23 1,91 Hs.173902 reg tubulin-spechaperone chaperone content in the content of the content in the content of the content in the content of the content in the content of the cont	nzyme se, n, 0,42 uence / 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
CTGTGCTCGGA -4 0,75 -9,62 1,78 Hs.76394 short chair ems1 seque (mammary tumor and tumor and squamou formerly 2 squamou formerly 3 squamou formerly 2 squamou formerly 3 squamou formerly	ee, 0,42 uence 7 0,40 ucono :: s 0,40 use 2
CTGTGCTCGGA -4 0,75 -9,62 1,78 Hs.76394 short chair ems1 seque (mammary tumor and tumor and squamou formerly 2 formerly 3 formerly 2 formerly 2 formerly 3 formerly 4	0,42 uence 0,40 ucono :: s
1259. ems1 seque (mammary tumor and squamou 1260. 6-phosphogli lactonase GGGCTGGGCCC -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.100071 [Swissprot protein phosphata (formerly 2 1262. 1262. 1262. 1263. 1,91 Hs.173902 reg	0,40 ucono :: s 0,40
GCAGCTCCTGT -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.347529 squamou fumor and squamou fumor and squamou fumor and squamou for phosphogication ase gGGCTGGGCCC -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.100071 [Swissprot protein phosphata (formerly 2 formerly 2 for function and squamou fumor and squamou for phosphogication ase gGGCTGGGCCC -4 0,75 -10,23 1,91 Hs.173902 reg function for function phosphata (formerly 2 for function phosphata (for function	0,40 ucono :: s 0,40
GCAGCTCCTGT -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.347529 tumor and squamou 6-phosphogi lactonase GGGCTGGGCCC -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.100071 [Swissprot protein phosphata (formerly 2 reg tubulin-spechaperone	0,40 ucono :: s 0,40
GCAGCTCCTGT -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.347529 squamou 1260. GGGCTGGGCCC -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.100071 [Swissprot protein phosphata (formerly 2 GTCTGACCCCA -4 0,75 -10,23 1,91 Hs.173902 reg 1262.	0,40 ucono :: s 0,40
1260. GGGCTGGGCCC -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.100071 [Swissprot protein phosphata (formerly 2 1262.	ucono :: s 0,40
Description	:s 0,40
GGGCTGGGCCC	:s 0,40
GGGCTGGGCCC -4 0,75 -9,96 1,85 Hs.100071 [Swissprote protein phosphate (formerly 2 1262.]	ise 2
1261. protein phosphata (formerly 2 reg tubulin-spechaperone)	ise 2
GTCTGACCCCA -4 0,75 -10,23 1,91 Hs.173902 reg tubulin-spechaperone	
GTCTGACCCCA -4 0,75 -10,23 1,91 Hs.173902 reg tubulin-spi chaperone	
GTCTGACCCCA	<u>′</u> Α),
tubulin-spi chaperone	0,39
chaperone	ecific
	a
GCCGATCCTCG -4 0,75 -10,57 1,98 Hs.24930 [Swisspro	0,38
1263. chaperoni	n
containing	
CCCAGGGAGAA	0,38
1264. TAP bindi	
protein (ta	
GGCTCCTCGAG -4 0,75 -10,80 2,03 Hs.179600 [Swisspro	
1265. fuse-bindi	ng
protein-	
interacting	
GTGGACCCCAA -4 0,75 -10,84 2,04 Hs.74562 repress	0,37
1266. APC11	
anaphase	
promoting	
CTGGCGCCGAT4 0,75 -11,11 2,10 Hs.183180 complex s	
1267. calmoduli	
(phospho	
ATCCGTGCCCT -4 0,75 -11,37 2,15 Hs.350042 kinase, de	
1268. heteroger	ieous
nuclear	
ribonucle	
TTTGTTAATTC -4 0,75 -11,60 2,20 Hs.278857 n	0,34
1269. protein	4
phosphat	
GAGCCTTGGTG -4 0,75 -13,01 2,51 Hs.183994 catalytic s	subunit 0,31
1270. TCTGCCTGGGG -4 0,75 -13,13 2,53 Hs.24379 [Swisspro	ot: 0,30

							none]	
1271.							similar to rat	
							nuclear	
	:						ubiquitous	
	GCTTTCATTGG	-4	0,75	-13,85	2,69	Hs.118064	casein	0,29
1272.							insulin-like	
			[growth factor	
1200	ACTGAGGAAAG	-4	0,75	-14,12	2,74	Hs.77326	binding prote	0,28
1273.							tissue inhibitor of	
	CACACTOTOTO		0.75	4= 40		l 	metalloproteinas	
4074	GAGAGTGTCTG	-4	0,75	-15,46	3,03	Hs.5831	e 1	0,26
1274.							transcription	
	ATCCGGCGCCA	ار	0.75	24 22	4 07	110 470770	elongation factor	0.40
1275.	ATCCGGCGCCA	-4	0,75	-21,22	4,27	Hs.172772		0,19
1275.							SH3 domain	
	AAGGACCTTTT	-4,36	1,29	-4,54	1 92	Hs.109051	binding glutamic acid-rich pr	0,96
1276.	74100/1001111	4,00	1,20	-7,0-7	1,02	113.103031	eukaryotic	0,90
12.0.							translation	
	GCTCAGCTGGA	-4,36	1,29	-6,75	3.50	Hs.223241	elongation factor	0,65
1277.			, -	-,			testis enhanced	
							gene transcript	
	CCACCCCGAAT	-4,36	1,29	-7,59	4,13	Hs.74637	(BAX inh	0,57
1278.							ATP synthase,	
							H+ transporting,	
	GACAATGCCAG	-4,98	0,88	-5,93	1,43	Hs.155433	mitochond	0,84
1279.			,				coatomer protein	
							complex, subunit	
1000	AAGCCAGGACA	-4,98	0,88	-7,88	2,16	Hs.10326	epsilo	0,63
1280.							ras-related C3	
	0074400404	4.00	0.00	,, ,,			botulinum toxin	
L	GCTAAGGAGAT	-4,98	0,88	-11,32	3,49	Hs.173737	substrate	0,44

102

Tabelle 8:

WO 2004/059001

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Face/ CGAP	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient (Face/ Breast) / (Face/ CGAP)
1281.							complement	
	ATAGACATAAA	4,82	0,88	1,05	0.15	Hs.78614	component 1, q subcomponent b	4,59
1282.	711710710711701	1,02	0,00	1,00	0,10	113.70014	Homo sapiens,	7,00
							thymosin, beta	
	CAAGTTCTTTC	4,82	0,72	1,06	0,19	Hs.75968	4, X chromo	4,55
1283.		ľ					Homo sapiens	
	COCCACCTOTO	4 00	0.70	400	0.04	1.1- 0400	cDNA FLJ31238	4.40
1284.	CCGGACCTGTG	4,82	0,72	1,08	0,21	Hs.9408	fis, clone KI TRK-fused gene	4,46
1204.							Swissprot:	
	ATGTACTAAAG	4,82	0,72	1,11	0.23	Hs.250897		4,34
1285.							heme	.,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,
							oxygenase	
	0070007000	4.00					(decycling) 1	
1286.	CGTGGGTGGGG	4,82	0,88	1,14	0,25	Hs.202833	ESTs	4,23
1200.							Swissprot:	
-	AGATTATATGT	4,82	0,72	1,20	0,31	Hs.17719	none]	4,02
1287.							ubiquitin-	.,,,,
							conjugating	
		4.00					enzyme E2L 6	
1288.	TTCTTGCTTAA	4,82	0,72	1,20	0,31	Hs.169895		4,02
1200.						5	CD47 antigen (Rh-related	
	GCCTTGATGAT	4,82	0,72	1,23	0.33	Hs.82685	antigen, integr	3,92
1289.							microtubule-	
							associated	
1290.	TGAGTGGTCAC	4,82	0,88	1,25	0,37	Hs.121849		3,86
1290.							hypothetical	
							protein FLJ10647	
	CAGGGTCCCCA	4,82	0,72	1,25	0,34	Hs.144391		3,86
1291.							hypothetical	
		;					protein	
	00400770040	4.00	0.70	4.00			MGC10334	
1292.	CGAGCTTCCAG	4,82	0,72	1,30	0,38	Hs.302446	translation factor	3,71
1232.							sui1 homolog	
	TACGTTGCAGC	4,82	0,88	1,33	0.45	Hs.21756	[Swissp	3,62
1293.							hypothetical	
		r september 1 mm					protein	
	ACCTTATTOAC	4.00		4.00		11- 07007	MGC1223	`
1294.	AGCTTATTGAG	4,82	0,72	1,33	0,41	Hs.273077	[Swissprot	3,62
1234.							ESTs, Moderately	
							similar to	
	ATCCACCCGCC	4,82	0,72	1,34	0,42	Hs.251337	PC4259 ferri	3,60
1295.							high-mobility	
	CCTGTACCCCA	4,82	0,72	1,39	0,45	Hs.32317	group 20B	3,47

103

							[Swissprot: sp	
1296.							interferon,	
							gamma-	
							inducible protein	
100=	ATCAAGAATCC	4,82	0,72	1,40	0,46	Hs.14623	30	3,44
1297.				l			diaphanous	
				ŀ			homolog 2 (Drosophila)	
	ACTTTTTAAAA	4,82	0,72	1,43	0.48	Hs.226483		3,37
1298.	,			-1,15	-,		Homo sapiens	
				- 1			mRNA; cDNA	
	,						DKFZp564C156	
	TCAGAAGTTTT	4,82	0,88	1,44	0,58	Hs.243901	3 (f	3,35
1299.				ļ			protein kinase	
							(cAMP-	
	GAGCTCCACAG	4,82	0,72	1,46	0.50	Hs.3407	dependent, catalyti	3,30
1300.	G/100100/10/10	7,02	0,12	1,40	0,00	113.0407	similar to S.	- 0,00
							cerevisiae RER1	
	ATTGCTTTTGA	4,82	0,72	1,47	0,51	Hs.40500	[Swisspro	3,28
1301.							uncharacterized	
	0.000000000						hematopoietic	
1200	GAGGTGCTCTA	4,82	0,72	1,48	0,52	Hs.181385		3,26
1302.		l]		,	choline phosphotransfer	
		l					ase 1	
	GAAGGAGATAT	4,82	0,72	1,48	0.52	Hs.171889		3,26
1303.	,			.,	-,		chromosome 20	
							open reading	
	ATTCCAAGGAT	4,82	0,72	1,50	0,53	Hs.3576	frame 30 [Sw	3,21
1304.							histidine triad	
	GCTTATAGTCA	4,82	0,72	1,50	0,53	Hs.256697	nucleotide binding prote	3,21
1305.	GOTTATAGTOA	4,02	0,12	1,50	0,55	115.230091	transformer-2	3,21
1000.							alpha (htra-2	
1	TGGGGAAAAGT	4,82	0,72	1,50	0,53	Hs.24937	alpha) [Swi	3,21
1306.							Homo sapiens	
						1	mRNA; cDNA	
		4 00					DKFZp586C101	
4207	TTACAACATTG	4,82	0,72	1,50	0,53	Hs.12314	9 (f	3,21
1307.							hypothetical protein	
							FLJ20186	
	GCCAGTCAAAG	4,82	0,72	1,51	0,54	Hs.65021	[Swisspro	3,19
1308.				,			BCL2-related	-1.0
							ovarian killer	-
L	TGCCAGGACAG	4,82	0,72	1,51	0,54	Hs.293753		3,19
1309.							coat protein	
	TATTTATTGAA	4,82	0,72	1,51	0,54	Ho 402050	gamma-cop [Swissprot: sp Q	
1310.	IATTATIGAA 1	4,02	0,12	1,01	0,54	Hs.102950	SMT3	3,19
1010.				ļ			suppressor of	
				ļ			mif two 3	
	TTCTTCTCGTG	4,82	0,72	1,53	0 <u>,</u> 55	Hs.85119	homolog 1 (3,15
1311.							quinoid	
	0.77007001				<u>. </u>		dihydropteridine	
4040	GATTGCTGGAG	4,82	0,72	1,53		Hs.75438	reductase [Swi	3,15
1312.	TTGTATTCCAG	4,82	0,72	1,53	0,55	Hs.3631	immunoglobulin	3,15

104

		f		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			(CD79A) binding	
							protein 1	
1313.	CTAATTCAGAA	4,82	0,72	1,54	0,56	Hs.37	acetyl- Coenzyme A acetyltransferas e 1 (a	3,13
1314.	TACATTCTGTG	4,82	0,88	1,59		Hs.86386	myeloid cell leukemia sequence 1 (BCL2-r	3,03
1315.							uncharacterized bone marrow	
	ATTTTGTGCAA	4,82	0,72	1,59	0,59	Hs.8750	protein BM04	3,03
1316.	-						chromosome 20	
	GGAATATGCAG	4,82	0,72	1,59	0,59	Hs.3569	open reading frame 155 [S	3,03
1317.	TGGAGCAGTTG	4,82	0,72	1,62	0,61	Hs.250723		2,98
1318.	ATGGAAGGTGC	4,82	0,72	1,64	0,62	Hs.104222	hypothetical protein FLJ10702 [Swisspro	2,94
1319.		-1					prohibitin	
	CCTGCCAAAGA	4,82	0,72	1,65	0.64	Hs.75323	[Swissprot: sp P35232;]	2,92
1320.		,,02		1,00	0,01	110.70020	MAGEF1 protein [Swissprot:	2,32
4004	TACCTTCATTT	4,82	0,72	1,65	0,64	Hs.306123		2,92
1321.	AGTACGAATGC	4,82	0,72	1,65	0 64	Hs.119	Wilms' tumour 1- associating protein [Sw	2,92
1322.	7.017.00711.00	1,02	0,7 2	1,00	0,04	113.113	von Hippel-	2,92
	AAATTAAAACA	4,82	0,72	1,69	0,66	Hs.198307	Lindau binding protein 1 [Sw	2,85
1323.	CCACTCCACTC	4,82	0,72	1,69	0.66	Hs.190452	KIAA0365 gene product [Swissprot:	2.95
1324.		4,82					spectrin, alpha, non-erythrocytic	2,85
1325.	TAAAGACAAA	4,02	0,88	1,70		Hs.77196	1 (alp general transcription	2,84
1000	CTTTTCTTTAT	4,82	0,72	1,73	0,68	Hs.75113	factor IIIA [Swis	2,79
1326.	TATTGACAACA	4,82	0,72	1,75	0.70	Hs.75608	tight junction protein 2 (zona occludens	0.75
1327.		7,02	0,12		0,10		S100 calcium	2,75
	GTGGCCACGGC	4,82	0,88	1,77	0,92	Hs.112405	binding protein A9 (calgran	2,72
1328.					-		SET domain- containing protein 7	
	ATGCAAGAGAG	4,82	0,72	1,77	0,71	Hs.78521	[Swissp	2,72
1329.	CTTCTCAGGGT	4,82		1,79			hypothetical	
L	OTTOTOAGGGT	4,82	0,72	1,/9	0,72	Hs.7779	protein	2,69

1330.	- 1							EL 140440	
1330. AAACAAATCAC				}	1			FLJ12118	
AAACAAATCAC	1330								
AAACAAATCAC	1000.			ĺ	ļ				
AAACAAATCAC 4,82 0,72 1,79 0,72 Hs.173714 sp[0150 2,68 1331.	İ				ľ				
AGATCCTACTT 4,82 0,88 1,83 0,98 Hs.48876 se 2,63 hypothetical protein FL.110849 [Swisspro 2,63 protein FL.110849] CTTGGTAATTT 4,82 0,72 1,83 0,75 Hs.8768 [Swisspro 2,63 CGI-101 protein [Swisspro: 2,63 protein FL.110849] 333. GTGTAAATGGA 4,82 0,72 1,85 0,76 Hs.266131 splQ9GZP9; 2,63 ESTs, Weakly similar to AGGGCAGTACT 4,82 0,72 1,85 0,76 Hs.343211 muscle protein 2,61 WD repeat domain 13 [Swissprot: 2,61 domain 13] CTGAGGGCCGG 4,82 0,72 1,85 0,76 Hs.12142 splQ9BU 2,61 hypothetical protein MGC2731 golg SNAP receptor complex GTCAGGTTGAG 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.8688 member 1 [S 2,58 proteasome (prosome, macropain) 26S subu 2,58 gold SNAP receptor complex GTCAGGTTGAG 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.26120 protein requi 2,58 gold SNAP gold S		AAACAAATCAC	4,82	0,72	1,79	0,72	Hs.173714		2,69
AGATCCTACTT 4,82 0,88 1,83 0,98 Hs.48876 se 2,63 hypothetical protein FLJ10849 (Swissprot: GGI-101 protein [Swissprot: sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: Sp]Q96ZP9;s 2,63 (SWissprot: SWISSPROT: SWISSPROT:	1331.						٠	farnesyl-	
AGATCCTACTT	İ								
1332. CTTGGTAATTT								i •	
CTTGGTAATTT	1000	AGATCCTACTT	4,82	0,88	1,83	0,98	Hs.48876		2,63
CTTGGTAATTT	1332.								
CTTGGTAATTT					1				-
1333. GTGTAAATGGA		CTTGGTAATTT	4.82	0.72	1.83	0.75	Hs.8768	I .	2.63
GTGTAAATGGA	1333.		-,,	- 	.,		1,0,0,0		
1334. AGGCAGTACT									
AGGGCAGTACT		GTGTAAATGGA	4,82	0,72	1,83	0,75	Hs.286131	splQ9GZP9;s	2,63
AGGGCAGTACT	1334.								
1335. WD repeat domain 13 Swissprot: sp Q9BU 2,61 1336. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1336. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1337. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1337. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1337. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1338. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1338. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1338. Swissprot: sp Q9BU 2,61 1338. Swissprot: sp Q9BU 2,58 1338. Swissprot: sp Q9BU 2,58 1339. Swissprot: sp Q9BU 2,58 1339. Swissprot: sp Q9BU 2,58 1339. Swissprot: sp Q9BU 2,58 1340. Swissprot: sp Q9BU 2,58 1341. Swissprot: sp Q9BU 2,58 1341. TGGAAATAAAA 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.267120 96 2,58 1342. TCAGATCCGTC 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 Swissprot: sp Q96K03;sp Q 2,55 1343. Swissprot: sp Q9BU 2,55 1344. Swissprot: sp Q9BU 2,55 1344. Swissprot: sp Q9BU 2,55 1345. Swissprot			4.00		4.05				4
CTGAGGGCCGG	4005	AGGGCAGTACT	4,82	0,72	1,85	0,76	Hs.343211		2,61
CTGAGGGCCGG	1335.								
CTGAGGGCCGG	ļ								
1336. GGAGTCTAACT		CTGAGGGCCGG	4.82	0.72	1.85	0.76	Hs.12142		2.61
GGAGTCTAACT	1336.		.,	-,					_,~.
GGAGTCTAACT								protein	
1337. GTCAGGTTGAG									
GTCAGGTTGAG 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.8868 member 1 [S 2,58 proteasome (prosome, macropain) 26S subu 2,58 diptheria toxin resistance gCAGAAAGTTC 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.324830 protein requi 2,58 dactylidin [Swissprot: sp Q96K03;sp Q 96 2,58 data data data data data data data dat	l	GGAGTCTAACT	4,82	0,88	1,87	1,02	Hs.240170		2,58
GTCAGGTTGAG 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.8868 member 1 [S 2,58 proteasome (prosome, macropain) 26S subu 2,58 diptheria toxin resistance gCAGAAAGTTC 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.324830 protein requi 2,58 dactylidin [Swissprot: sp Q96K03;sp Q 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.267120 96 2,58 mitochondrial ribosomal protein S6 [Swi 2,55 1342. TCAGATCCGTC 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 protein S6 [Swi 2,55 at 2,55 at 2,55 at 344. CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 1344. CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 at 345. CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 at 345. EBNA1 binding	1337.								
GTCAGGTTGAG									
1338. TAACAAAAATG 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.7756 subu 2,58	ļ.	GTCAGGTTGAG	4.82	0.72	1.87	0.78	Hs 8868		2 58
TAACAAAAATG 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.7756 subu 2,58 diptheria toxin resistance gCAGAAAGTTC 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.324830 protein requi 2,58 dactylidin [Swissprot: sp Q96K03;sp Q gTGTTCCCATA 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.267120 96 2,58 1341. TGGAAATAAAA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 protein S6 [Swi 2,55 Ras-related GTP-binding TCAGATCCGTC 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.57304 protein [Swissp 2,55 1343. GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 1344. CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 EBNA1 binding	1338.	010/100110/10	.,,,,	<u> </u>	1,01	0,70	110.0000		2,00
TAACAAAAATG 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.7756 subu 2,58 diptheria toxin resistance GCAGAAAGTTC 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.324830 protein requi 2,58 dactylidin [Swissprot: sp Q96K03;sp Q 96 2,58 1341. TGGAAATAAAA 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.267120 96 2,58 mitochondrial ribosomal protein S6 [Swi 2,55 1342. TCAGATCCGTC 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 protein S6 [Swi 2,55 Ras-related GTP-binding protein [Swissp 2,55 1343. GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 1344. CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 (CAC)n/(GTG)n repea 2,55									
1339. GCAGAAAGTTC	ļ							macropain) 26S	
GCAGAAAGTTC 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.324830 resistance protein requi 2,58 dactylidin [Swissprot: sp Q96K03;sp Q GTGTTCCCATA 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.267120 96 2,58 1341. TGGAAATAAAA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 protein Se [Swi 2,55 Ras-related GTP-binding protein [Swissp 2,55 Ras-related GTP-binding protein [Swissp 2,55 Ras-related GTP-binding protein [Swissp 2,55 mesenchymal stem cell protein Service of the collapse of the collap		TAACAAAAATG	4,82	0,72	1,87	0,78	Hs.7756		2,58
GCAGAAAGTTC 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.324830 protein requi 2,58	1339.								
1340.		GCAGAAAGTTC	4 02	0.72	1 07	0.70	Un 224020		0.50
GTGTTCCCATA 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.267120 96 2,58 1341. mitochondrial ribosomal riboso	1340	GCAGAAAGTTC	4,02	0,72	1,07	0,76	ПS.32463U		2,36
GTGTTCCCATA 4,82 0,72 1,87 0,78 Hs.267120 96 2,58 1341. TGGAAATAAAA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 protein S6 [Swi 2,55 Ras-related GTP-binding protein [Swissp 2,55 GAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.57304 protein [Swissp 2,55 mesenchymal stem cell protein GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 1344. CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 [EBNA1 binding]	10-10.						,	laa	
GTGTTCCCATA			}						
TGGAAATAAAA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 protein S6 [Swi 2,55 1342. TCAGATCCGTC 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.57304 protein [Swissp 2,55 mesenchymal stem cell protein GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 1344. CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 (CAC)n/(GTG)n repea 2,55 EBNA1 binding		GTGTTCCCATA	4,82	0,72	1,87	0,78	Hs.267120		2,58
TGGAAATAAAA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.6945 protein S6 [Swi 2,55 1342. Ras-related GTP-binding protein [Swissp GTP-binding protein [Swissp 2,55 1343. mesenchymal stem cell protein DSCD75 [S 2,55 1344. Human clone A9A2BRB5 (CAC)n/(GTG)n CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 1345. EBNA1 binding	1341.							1	
TCAGATCCGTC									
TCAGATCCGTC 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.57304 GTP-binding protein [Swissp 2,55 mesenchymal stem cell protein DSCD75 [S 2,55 1344. GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 Human clone A9A2BRB5 (CAC)n/(GTG)n cAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 EBNA1 binding	4040	IGGAAATAAAA	4,82	0,72	1,89	0,79	Hs.6945		2,55
TCAGATCCGTC 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.57304 protein [Swissp 2,55 1343. GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 1344. Human clone A9A2BRB5 (CAC)n/(GTG)n cAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 EBNA1 binding	1342.								
1343. mesenchymal stem cell protein DSCD75 [S 2,55 1344. Human clone A9A2BRB5 (CAC)n/(GTG)n CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 1345. EBNA1 binding		TCAGATCCGTC	4 82	0.72	1 89	0.79	Hs 57304		2 55
GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 Stem cell protein DSCD75 [S 2,55 1344. Human clone A9A2BRB5 (CAC)n/(GTG)n CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 EBNA1 binding	1343.		7,02		1,00	0,70	113.07.00-		2,00
GGAAAGCTGCA 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.25237 DSCD75 [S 2,55 1344. Human clone A9A2BRB5 (CAC)n/(GTG)n CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 EBNA1 binding									
A9A2BRB5 (CAC)n/(GTG)n repea 2,55 EBNA1 binding		GGAAAGCTGCA	4,82	0,72	1,89	0,79	Hs.25237		2,55
CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 EBNA1 binding	1344.								
CAGCACATTAT 4,82 0,72 1,89 0,79 Hs.184592 repea 2,55 1345. EBNA1 binding									
1345. EBNA1 binding		CACCACATTAT	,,,	0.70	4.00	0.70	115 404500		2
(12/E		4,82	0,72	1,89	0,79	HS.184592		2,55
2,01	1040.	1	4 82	0.72	1 92	റ മറ	Hs 346868		2 51
	L	1	1,02	J,1 Z	1,02	0,00	1.10.0-10000	P. 5.0 2	۱ بر ع

1347. 1348. 1349. G(1350. G) 1351.	CTGAGGGTAC AAAATAAGAT CAACACATCT AAAATAAAAG GTAACTTCCT	4,82 4,82 4,82 4,82	0,72 0,72 0,72 0,72	1,99 1,99 2,02	0,85	Hs.178551 Hs.51043 Hs.268122 Hs.283109	low density lipoprotein	2,51 2,42 2,42 2,39
1347. TA 1348. TI 1349. GA 1350. TC	AAAATAAGAT FATGCTTTCA CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82 4,82 4,82	0,72 0,72 0,72	1,99 1,99 2,02	0,85	Hs.51043 Hs.268122	protein L8 [Swissprot: sp P25 hexosaminidase B (beta polypeptide) [Sw hypothetical protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,42
1347. 1348. 1349. 1350. G/	AAAATAAGAT FATGCTTTCA CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82 4,82 4,82	0,72 0,72 0,72	1,99 1,99 2,02	0,85	Hs.51043 Hs.268122	sp P25 hexosaminidase B (beta polypeptide) [Sw hypothetical protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,42
1347. 1348. 1349. 1350. G/	AAAATAAGAT FATGCTTTCA CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82 4,82 4,82	0,72 0,72 0,72	1,99 1,99 2,02	0,85	Hs.51043 Hs.268122	hexosaminidase B (beta polypeptide) [Sw hypothetical protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,42
1348. 1349. 1350. G/	CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82 4,82	0,72	1,99	0,85	Hs.268122	B (beta polypeptide) [Sw hypothetical protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,42
1348. T1 1349. G6 1350. G7	CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82 4,82	0,72	1,99	0,85	Hs.268122	polypeptide) [Sw hypothetical protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,42
1348. T1 1349. G6 1350. G7	CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82 4,82	0,72	1,99	0,85	Hs.268122	ISW hypothetical protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,42
1348. T1 1349. G6 1350. G7	CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82 4,82	0,72	1,99	0,85	Hs.268122	hypothetical protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,42
1349. G6 1350. G7 1351.	CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82	0,72	2,02			protein LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	,
1349. G(1350. G/ 1351.	CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82	0,72	2,02			LOC51321 [Swisspro low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	,
1349. G(1350. G/ 1351.	CAACACATCT AAAATAAAAG	4,82	0,72	2,02			low density lipoprotein receptor defect KIAA0970	,
G(1350. G/ 1351.	AAAATAAAAG				0,86	Hs.283109	lipoprotein receptor defect KIAA0970	2,39
1350. G/ 1351.	AAAATAAAAG				0,86	Hs.283109	receptor defect KIAA0970	2,39
1350. G/ 1351.	AAAATAAAAG				0,00	HS.203109	KIAA0970	2,38
G/ 1351.		4,82	0,72	2 02		,		
1351. TO		4,82	0,72	2 02			romen i	
1351. TO		4,82	0,72	2 02		·	[Swissprot:	
то	STAACTTCCT			4,04	0,86	Hs.103329	splQ9Y2H6;	2,39
	GTAACTTCCT						Homo sapiens	
	GTAACTTCCT		İ				mRNA; cDNA	
		4,82	0,72	204	0.00	LI 074440	DKFZp434I139	0.00
1 1 3 7 7 1	<u> </u>	4,02	0,72	2,04	0,88	Hs.274440	ESTs	2,36
1552.		1		1			[Swissprot:	
G(CAATAATAGG	4,82	0,72	2,04	0,88	Hs.16332	none]	2,36
1353.					-		hypothetical	
							protein	
	0007707000	4 00	0.70			5045	FLJ20643	
1354.	CGCTTCTGCC	4,82	0,72	2,07	0,90	Hs.5245	[Swisspro	2,33
1304.			Ī	1			catechol-O- methyltransferas	
] _{T1}	TTTAAAAATA	4,82	0,72	2,07	0.90	Hs.240013	e [Swissprot	2,33
1355.					-,		hypothetical	
							protein H17	
	AATTAACTCC	4,82	0,72	2,07	0,90	Hs.16361	[Swissprot: sp	2,33
1356.	·	}					FSHD region	
							gene 1 [Swissprot:	
l l _A (GACGCTTCTG	4,82	0,72	2,10	0.91	Hs.203772		2,30
1357.		.,,	<u> </u>			1101200172	Homo sapiens	2,00
							clone 24416	
	ATTTGAAAGC	4,82	0,72	2,12	0,93	Hs.5957	mRNA sequence	2,27
1358.		-	-				transferrin	
							[Swissprot:	
	GTGCTGAACA	4,82	0,72	2,12	0.03	Hs.343265	sp O43890;sp P	2 22
1359.	0.00104404	7,02	0,12	۷,۱۷	৩,৪১	118.343200	0 Homo sapiens,	2,27
		. , .]					clone	
							MGC:16362	-
	AATTTTGGAT	4,82	0,88	2,14	1,27	Hs.292457	IMAGE:3927	2,25
1360.							hypothetical	
							protein	
ا ام	ATAAATTAAA	4 00	0.70	245	0.04	Un 7500	FLJ14153	0.04
1361.	ATAMA I IAWA	4,82	0,72	2,15	0,94	Hs.7503	[Swisspro inosine	2,24
	TTTTTAAATG	4,82	0,72	2,15	0.94	Hs.6817	triphosphatase	2,24
		.,,,	<u>-,,-</u> _		,			, T

107

1072.							DKFZp586C172	
							Homo sapiens mRNA; cDNA	į
1372.	CTGGTGAGTGC	4,82	0,72	2,25	1,00	Hs.11902	sp[O95424;]	2,14
	CTCCTCACTCC						[Swissprot:	
1371.		7,02	0,12	2,20	1,00	⊓5.132033	sp Q1 MYLE protein	2,14
	TTATGTTGAAA	4,82	0,72	2,25	1.00	Hs.132853	Swissprot:	0.44
					,		product	ŀ
1370.	ATOTOCAGIA	4,82	0,72	2,25	1,00	Hs.26373	clone H KIAA0171 gene	2,14
	AATGTCCAGTA	4,82	0.73	2 25	1 00	Un 26272	FLJ23449 fis,	
							cDNA:	
1369.					.,,-0		Homo sapiens	
	AGAATAAAATA	4,82	0,72	2,25	1,00	Hs.79103	mitochondrial membra	2,14
							outer mitochondrial	
1368.							cytochrome b5	
1260	AAAACATTATG	4,82	0,72	2,25	1,00	Hs.80917	3, sigma	2,14
				_		<u> </u>	protein complex	
1367.		.,,	0,.2		0,00	110.10000	adaptor-related	2,10
	GAAAAGGTTAT	4,82	0,72	2,21	0.98	Hs.16085	T27415 hypotheti	2,18
			-				similar to	
1366.		.,,52	<u> </u>	,- 1	0,00	. 10.10170	ESTs, Weakly	۷,۱۵
	GCACCTATTGA	4,82	0,72	2,21	0.98	Hs.16178	antagonizing transcription fac	2,18
1365.	·						apoptosis	
	CGTGAACAATT	4,82	0,72	2,21	0,98	Hs.7045	sp Q9BVZ1;sp	2,18
							[Swissprot:	
1364.	TAATAAACAGG	4,82	0,72	2,21	0,98	Hs.75811	(acid c GL004 protein	2,18
	TAATAAACAGG	4 00	0.70	0.04	0.00	Un 75044	amidohydrolase	
							acylsphingosine	
1363.		4,02	0,72	2,18	0,96	Hs.39132	[Swisspro	2,21
	TCAGCCGCTAC	4,82	0,72	2.10	0.06	Un 20122	MGC11115	0.04
							protein	
1362	,				*		hypothetical	
					i		(nucleoside triph	

108

							FLJ20038	
							[Swisspro	
1378.							hypothetical	
							protein	
	TGGCCAATAAA	4,82	0,72	2,46	1 11	Hs.57988	FLJ22357 similar to	1,96
1379.	100007417441	7,02	0,72	2,40	1,11	1 13.37 300	Homo sapiens	1,90
							mRNA; cDNA	
							DKFZp564E222	
1000	GCCTGTTTGTA	4,82	0,72	2,46	1,11	Hs.5613	2 (f	1,96
1380.							copine III	
							[Swissprot: sp O75131;sp Q	
	TGTAAGTTACT	4,82	0,72	2,46	1.11	Hs.14158	sp 073131,sp Q	1,96
1381.				,	.,		hypothetical	1,00
				l			protein BM-002	
1000	TTGTTATATTG	4,82	0,72	2,50	1,13	Hs.5862	[Swissprot:	1,93
1382.							proteasome	
							(prosome, macropain) 26S	
	TATTAAATAGC	4,82	0,72	2,50	1.13	Hs.155543		1,93
1383.			-7		.,,.0		iduronidase,	1,00
			1				alpha-L-	
	оторосторов	4.00	0.70				[Swissprot:	
1384.	CTGCCCTCCCA	4,82	0,72	2,54	1,15	Hs.89560	sp P3	1,90
1304.							chemokine (C-X-C motif),	
*	TTAAACTTAAA	4,82	0,72	2,54	1,15	Hs.89414	receptor 4 (fus	1,90
1385.					···· /		hypothetical	
				-			protein	
	COCCTAAACO	4.00	, 20	0.54			FLJ14486	
1386.	GGGCCTAAACC	4,82	0,72	2,54	1,15	Hs.195219		1,90
1300.						٠,	aldehyde dehydrogenase	
							1 family,	
	AATTAACTCCG	4,82	0,72	2,54	1,15	Hs.169517		1,90
1387.							uncharacterized	
	TOCACTOAATO	4.00	0.70	0.50	4 47	11. 7704	bone marrow	
1388.	TGCACTGAATG	4,82	0,72	2,58	1,17	Hs.7731	protein BM03	1,87
1300.						ŕ	Homo sapiens	
							FLJ22448 fis,	
	CAAACCATCCG	4,82	0,72	2,58	1,17	Hs.336635		1,87
1389.	·						microtubule-	
	CTGAGGGGTGA	4 00	0.70	0.50	4.4-		associated	
1390.	CIGAGGGGIGA	4,82	0,72	2,58	1,17	Hs.121849	proteins 1A/1B li KIAA1387	1,87
1000.							protein	
							[Swissprot:	ĺ
	TGGTGATATTA	4,82	0,72	2,62	1,19	Hs.301434	sp Q9BQJ0;	1,84
1391.			T				hypothetical	
	ATGATGGAAAA	4.00	0-70	0.00	امد د	000.47	protein CDA08	, .
1392.	ATGATGGAAAA	4,82	0,72	2,62	1,19	Hs.23047	[Swissprot:	1,84
1032.			- 1				nucleoporin 214kD (CAIN)	
	TTGGGTTTTCC	4,82	0,72	2,62	1.19	Hs.170285	[Swissprot: sp	1,84
1393.	,						myosin, heavy	
	ATTTGAGAGTT	4,82	0,72	2,62	1,19	Hs.146550	polypeptide 9,	1,84

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 109

							non-muscle	
1394.							mitochondrial	
	CCCCAAACACO	4 00	0.70	0.74	4.04	0000	ribosomal	4 = 0
1395.	GGCCAAACAGG	4,82	0,72	2,71	1,24	Hs.9622	protein S18A [S	1,78
1395.							kallikrein 6	
	CACTCAATAAA	4,82	0,72	2,71	1 24	Hs.79361	(neurosin, zyme) [Swisspro	1,78
1396.		.,,52	<u> </u>			110.1 000 1	ESTs	1,70
							[Swissprot:	
	TGAACACGTTT	4,82	0,72	2,71	1,24	Hs.118531		1,78
1397.					_		DEAD/H (Asp-	
		4.00					Glu-Ala-Asp/His)	
1398.	TTATTTTCCTG	4,82	0,72	2,71	1,24	Hs.100555		1,78
1390.							regulator of	
							nonsense	
	GAAATGCTGCC	4,82	0,72	2,76	1 26	Hs.3862	transcripts 2	1,75
1399.	0.000000	1,02	0,12	2,10	1,20	113.0002	AD021 protein	1,70
							[Swissprot:	
	CAAAAGCTTAT	4,82	0,72	2,76	1,26	Hs.323583		1,75
1400.		-					ribosomal	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
							protein S14	
							[Swissprot:	
4404	TAAAAAAAAAG	4,82	0,72	2,76	1,26	Hs.244621		1,75
1401.		•				,	hypothetical	
1							protein	
	GATAGAGGGAC	4,82	0,72	2,76	1 26	Hs.178011	FLJ20257 [Swisspro	1 75
1402.	C/ (I/ C/ CCC/ CC	7,02	- 0,12	2,70	1,20	115.170011	hypothetical	1,75
							protein	
							MGC3136	
	GTGGCCCCGGC	4,82	0,72	2,81	1,28	Hs.77575	[Swissprot	1,72
1403.						, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	hypothetical	
							protein	
	GGTAGCTGCTC	4,82	0,72	2 04	4 20	LIn 74000	FLJ22237	4 70
1404.	GGTAGCTGCTC	4,02	0,12	2,81	1,20	Hs.74280	[Swisspro fructose-1,6-	1,72
' ' ' ' '			·				bisphosphatase	
	ACTATTTCCAC	4,82	0,72	2,81	1.28	Hs.574	1 [Swisspro	1,72
1405.							hypothetical	
							gene	
				İ			DKFZp547M072	
1400	TATGAAAACAT	4,82	0,72	2,81	1,28	Hs.300870		1,72
1406.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
	GTTCTAAATGG	4,82	0,72	2,81	1 20	Hs.274401	DKFZp434P086	1 70
1407.	GHOIAAAGG	7,02	0,12	2,01	1,20	ПS.274401	(fr carboxypeptidas	1,72
•							e E [Swissprot:	
	TTTACAAAGAG	4,02	0,67	1,00	0.11	Hs.75360	splP1687	4,02
1408.					• • • •		mal, T-cell	
	<u> </u>						differentiation	
4100	ATGAAAAGAAA	4,02	0,67	1,06	0,17	Hs.76550	protein 2 [3,79
1409.							hypothetical	
							protein	
	TTTTGGGGGCT	4,02	0,67	1,12	0.32	Un 46726	FLJ23476	2.50
		+,∪∠	0,07	1,14	∪,∠3	Hs.46736	[Swisspro	3,59
1410.	TTTGTTAAAAC	4,02	0,67	1,27		Hs.111244	THE 4	3,17

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 110

						_	responsive RTP801 [Swissprot: sp]	
1411.							eukaryotic	
	AATTCAATTAA	4,02	0,67	1,40	0,51	Hs.211568	translation initiation factor	2,87
1412.	CAGTTTGTACA	4,02	0,67	1,49	0,59	Hs.1023	pyruvate dehydrogenase (lipoamide) alpha	2,70
1413.							RAB6A, member RAS oncogene	
	TCCTGAAATAA	4,02	0,67	1,50	0,60	Hs.5636	family [Swis	2,68
1414.							Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586K232	
	GTTGAAACTCA	4,02	0,67	1,67	0,76	Hs.343411	2 (f	2,41
1415.	TTTATTTCTAC	4,02	0,67	1,81	0,88	Hs.85963	Homo sapiens cDNA FLJ31439 fis, clone NT	2,22
1416.			-				annexin A7 [Swissprot:	
	TTGTTATTGCC	4,02	0,67	1,94	1,00	Hs.78637	sp P20073;]	2,07
1417.	CCAATAAAGTG	4,02	0,67	1,97	1,02	Hs.101850	retinol binding protein 1, cellular [Sw	2,04
1418.	TTCTCTCAACT	4,02	0,67	2,03	1,07	Hs.27445	unknown [Swissprot: sp Q9NZZ4;sp Q 9UL33	1,98
1419.					0.74	11. 444000	hypothetical protein MGC10974	0.40
1400	GGGCCAGGGGA	3,62	1,05	1,49	0,74	Hs.111099		2,43
1420.	тетеесте	3,62	1,05	1,55	0,83	Hs.306339	Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp586N202 2 (f	2,34
1421.					-		chromosome 20	
1100	TACTAATAAAA	3,62	1,05	1,62	0,93	Hs.11565	open reading frame 52 [Sw	2,23
1422	CTTCTGTGTAT	3,21	0,47	1,01	n 19	Hs.75305	aryl hydrocarbon receptor interacting pr	3,18
1423		0,21	0,47	1,01	0,10	113.70000	hypothetical protein PRO1855	0,10
	ACTATCCTGAT	3,21	0,47	1,01	0.19	Hs.283558	1	3,18
1424				-,	-		cellular repressor of E1A-stimulated	
	ATTTCAGAAGA	3,21	0,47	1,02	0,19	Hs.5710	gen	3,15
1425	CCGGAATGTGG	3,21	0,47	1,02	0 10	Hs.54702	xylosylprotein beta1,4- galactosyltransfe	3,15
1426		U,E 1	0,47	1,02	0,10	10.07702	pilin-like	, 0,10
	GTACGTCTGGC	3,21	0,47	1,02	0,19	Hs.279754	transcription factor [Swissp	3,15

1427.	ļ						hypothetical	
			İ				protein	
			1				FLJ20093	
	TATTTTCTTTT	3,21	0,47	1,02	0,19	Hs.172572		3,15
1428.							PAI-1 mRNA-	
	AATACTTTCT	2 21	0.47	1 02	0.40	Un 165000	binding protein	2.45
1429.	AATACTTTTGT	3,21	0,47	1,02	0,19	Hs.165998	[Swissprot: hypothetical	3,15
1425.							protein	
							MGC2574	
	CCTGTCCAGTC	3,21	0,47	1,03	0,20	Hs.4253	[Swissprot	3,12
1430.							thioredoxin-like,	
	0447707444		2.4	ابمبا	2.24		32kD	
1431.	CAATTGTAAAT	3,21	0,47	1,04	0,21	Hs.18792	[Swissprot: sp O	3,09
1431.				İ			DKFZP564C103 protein	
1		ľ		-			[Swissprot:	
	CCTCAGTATAA	3,21	0,47	1,04	0,21	Hs.144058		3,09
1432.							actinin, alpha 1	
							[Swissprot:	
	AAAATATTTTA	3,21	0,47	1,04	0,21	Hs.119000		3,09
1433.		-	-		,		insulin-like	
	AAAAAAAAA	3,21	0,47	1,06	0.22	Hs.85112	growth factor 1 (somatomedi	3,03
1434.	700000000	0,21	0,77	1,00	0,22	113.00112	KIAA0721	3,00
							protein	
							[Swissprot:	
	TGCTTGAAGGA	3,21	0,47	1,06	0,22	Hs.284141		3,03
1435.							prothymosin,	
	AGAATTTGCAA	3,21	0,47	1,06	0.22	Hs.250655	alpha (gene sequence 28) [3,03
1436.	NONTHIODAY	<u> </u>	0,47	1,00	0,22	1 18.20000	aconitase 1,	3,03
00.							soluble	
							[Swissprot:	
	GATAGGTCGGG	3,21	0,47	1,06	0,22	Hs.154721	sp P21	3,03
1437.							v-jun sarcoma	
, !							virus 17	
	CCTTTGTAAGT	3,21	0,47	1,06	0.18	Hs.78465	oncogene homolog	3,03
1438.			<u> </u>	-,,,,,	0,10	1.10.7 0 700	acid	0,00
							phosphatase 1,	
	1						soluble	
	AATATTTCAAA	3,21	0,47	1,07	0,23	Hs.75393	[Swissprot:	3,00
1439.							KIAA0869	
					•		protein [Swissprot:	
	AGTGAGGGGAG	3,21	0,47	1,07	0.23	Hs.21543	sp O94946;	3,00
1440.		-,,			-,		RNA-binding	3,00
							region (RNP1,	
	AAGAACGTAGC	3,21	0,47	1,07	0,23	Hs.145696	RRM) containin	3,00
1441.		. ,					heterogeneous	
							nuclear ribonucleoprotei	
	TTTTAAATTAG	3,21	0,47	1,07	0.19	Hs.232400	n	3,00
1442.		U,£ 1	<u> </u>	- 1,01	0,10	110.202700	trinucleotide	3,00
							repeat	
1 1						I		
	GGTAGCCCACG	3,21	0,47	1,08		Hs.56828	containing 5 [Swis	2,97

1443.							glucosamine-6-	
1443.							phosphate	
	GATCAATGGAT	3,21	0,47	1,08	0,24	Hs.278500		2,97
1444.		,					ribosomal protein L31 [Swissprot:	
	GATGCGCTTGT	3,21	0,47	1,08	0,20	Hs.184014		2,97
1445.							chromosome 20	
	GGGCCCTTCCT	3,21	0,47	1,08	0.20	Hs.168073	open reading frame 188 [S	2,97
1446.		,		.,,,,,	0,20	1.01100010	translocase of	
			:				inner	
	AGGTCCCTGTC	3,21	0,47	1,10	0.25	Hs.6820	mitochondrial membr	2.02
1447.	AGGICCCIGIC	3,21	0,47	1,10	0,25	∏S.002U	plakophilin 4	2,92
							Swissprot:	
	CCCATTCCTCG	3,21	0,47	1,10	0,25	Hs.152151	sp O95645;sp	2,92
1448.				ŀ			NICE-5 protein	
	TACACTGCTTT	3,21	0,47	1,12	0.26	Hs.337078	[Swissprot: sp Q96MV4;sp	2,87
1449.	17.02.01.001.11	0,21	0,77		0,20	113.007070	leucine	2,01
	_						aminopeptidase	
1450	AGCAAACTGAA	3,21	0,47	1,12	0,23	Hs.182579		2,87
1450.	,						signal sequence receptor, gamma	
	GAATTTGTGTA	3,21	0,47	1,13	0.27	Hs.28707	(translo	2,84
1451.					•		conserved gene	
		0.04					amplified in	
1452.	GTTTGATAAAT	3,21	0,47	1,13	0,27	Hs.180669		2,84
1402.							citrate synthase [Swissprot:	
	ATGGAGACTTC	3,21	0,47	1,13	0,24	Hs.239760	sp O75390;	2,84
1453.	"						phosphatidylseri	
	CTCTAGAACCT	3,21	0,47	1,14	U 28	Hs.77329	ne synthase 1	2 92
1454.	OTOTAGAAGGT	0,21	0,41	1,14	0,20	П5.11329	[Swisspro cyclin-	2,82
		ļ					dependent	
	T00100TT000						kinase 2	
1455.	TGCACCTTGGG	3,21	0,47	1,14	0,28	Hs.19192	[Swissprot: s	2,82
1435.			·				cullin 1 [Swissprot:	
	TGAGGACACAG	3,21	0,47	1,14	0,28	Hs.14541	sp[Q13616;]	2,82
1456.							DNA replication	
	GGGCTCACCTG	2 24	0.47	444	0.00	Lie 400000	factor	0.00
1457.	GGGCTCACCTG	3,21	0,47	1,14	0,28	Hs.122908	[Swissprot: sp Q ESTs, Weakly	2,82
							similar to	
			_				Z195_HUMAN	
1450	CCTGCAGTCCC	3,21	0,47	1,15	0,29	Hs.278751	ZINC	2,79
1458.							metalloprotease 1 (pitrilysin	
L.	TAGAATTTTCA	3,21	0,47	1,15	0,29	Hs.260116		2,79
1459.			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		•		seven	
							transmembrane	
	CCTGGAGTGGT	3,21	0,47	1,15	0.20	Hs.10071	protein TM7SF3	. 2 70
1	100100101001	U,Z I	U,41		0,29	ji i o . i∪∪/ i		2,79
1460.							SON DNA	

							[Swissprot: sp	
1461.							ribosomal protein L23	
	GTGATGGCCAC	3,21	0,47	1,16	0,30	Hs.234518	[Swissprot: sp P2	2,77
1462.	GGAGGAATTCA	3,21	0,47	1,18	0,30	Hs.78056	cathepsin L [Swissprot: sp P07711;sp Q 9	2,72
1463.							isopentenyl- diphosphate	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
	TGACACCCACA	3,21	0,47	1,18	0,30	Hs.76038	delta isomerase	2,72
1464.	GGAAGAGAAGG	3,21	0,47	1,18	0.30	Hs.40500	similar to S. cerevisiae RER1 [Swisspro	2,72
1465.							nucleotide binding protein	
1466.	GGTGACTCTTA	3,21	0,47	1,18	0,30	Hs.296422	[Swissprot: HSCARG protein	2,72
	TTCCGTTTCTA	3,21	0,47	1,18	0.30	Hs.288969	[Swissprot: sp Q9HBL8;]	2,72
1467.							ESTs [Swissprot:	
1468.	GAGAATTAATC	3,21	0,47	1,18	0,30	Hs.101025	none] RAB1A, member	2,72
	CATAAAGTTTA	3,21	0,47	1,18	0,28	Hs.3642	RAS oncogene family [Swis	2,72
1469.				,			SWI/SNF related, matrix	
	GAACTAGAAGA	3,21	0,47	1,19	0,31	Hs.9456	associated, acti	2,70
1470.							isocitrate dehydrogenase 3 (NAD+)	
1471.	GACAATGAGAA	3,21	0,47	1,19	0,31	Hs.75253	gamma	- 2,70
	AGTGTAATGGT	3,21	0,47	1,19	0,31	Hs.64595	aminoadipate- semialdehyde dehydrogenase-	2,70
1472.	:				•		Homo sapiens cDNA FLJ31951	
	GCTACAGGTAG	3,21	0,47	1,19	0,31	Hs.16488	fis, clone NT	2,70
1473.	TTACACTAATA	3,21	0,47	1,19	0.31	Hs.159	tumor necrosis factor receptor superfami	2,70
1474.							hypothetical protein FLJ11274	
1475.	GATGGCTGCCT	3,21	0,47	1,20	0,32	Hs.18104	[Swisspro ATP-binding	2,68
	TGGAGAGTCGC	3,21	0,47	1,20	0.32	Hs.118634	cassette, sub- family B (MDR/	2,68
1476.		- ;- •	2,11	<u> </u>	-,		KIAA0807 protein [Swissprot:	2,00
4477	CCGAGGCTGCC	3,21	0,47	1,20	0,32	Hs.101474	sp[O94899;	2,68
1477.	ACCTGTAATTG	3,21	0,47	1,22	0,33	Hs.284288	hqp0256 protein [Swissprot: sp Q96GM0;s	2,63
	·							

1478.			,				CD59 antigen	
							p18-20 (antigen	
	AAAACTTAGAG	3,21	0,47	1,23	0,34	Hs.278573	identified	2,61
1479.		,		*			calnexin	i
	00704077707					l	[Swissprot:	
4.400	CCTCACTTTCT	3,21	0,47	1,23	0,34	Hs.155560	 	2,61
1480.				 			hypothetical	
							protein	
	GTTGGGGTGGT	224	0.47	4 05	0.05	11. 74000	MGC4251	
1481.	GTTGGCCTGGT	3,21	0,47	1,25	0,35	Hs.74266	[Swissprot	2,57
1401.							vacuolar protein	
	TATGACCACAA	3,21	0,47	1,25	0.25	110 0050	sorting 45A	
1482.	TATGACCACAA	3,∠1	0,47	1,25	0,35	Hs.6650	(yeast) [S	2,57
1702.	,	,					ARP3 actin-	
	AGACTTGGCAT	3,21	0,47	1,25	0.25	Ho 5224	related protein 3	0.57
1483.	AGAGTTGGGAT	0,21	0,47	1,25	0,35	Hs.5321	homolog (ye	2,57
1400.							nitrilase 1	
1	GAAACTGAAGT	3,21	0,47	1,25	0.25	Ho 146406	[Swissprot: sp O76091;]	0.57
1484.	0,000010,001	0,21	0,77	1,23	0,35	HS. 140400		2,57
				t .			cat eye syndrome	
							chromosome	
	CAGCCTGTCGG	3,21	0,47	1,26	0.36	Hs.26890	region, cand	2,55
1485.		<u> </u>	- 0, 1,	1,20	0,00	113.20030	ESTs, Weakly	2,00
				ı			similar to Chain	
	TTTCTGCTCCT	3,21	0,47	1,26	0.36	Hs.215158		2,55
1486.					- 0,00	110.210100	matrix Gla	2,00
				1			protein	
			İ				[Swissprot:	
	GTTTATGGATA	3,21	0,47	1,26	0.35	Hs.279009	sp P0849	2,55
1487.				,	-,,-,		2,4-dienoyl CoA	2,00
			Ī				reductase 1,	
	AGCAAGTCTCT	3,21	0,47	1,28	0,37	Hs.81548	mitochondri	2,51
1488.							DKFZP586A011	
1				1			protein	
							[Swissprot:	
	AAGCACTGTTT	3,21	0,47	1,28	0,37	Hs.75884	sp Q8W	2,51
1489.							[Swissprot:	
	TGGGAACATAA	3,21	0,47	1,28	0,37	Hs.173334	none]	2,51
1490.			ľ				KIAA0103 gene	
							product	
	ATO ATT ATT A						[Swissprot:	
4 404	ATGATTTATTA	3,21	0,47	1,28	0,37	Hs.154387	sp Q1	2,51
1491.			Ì				Homo sapiens,	
							RIKEN cDNA	ŀ
	CCAAATCCTCC			4 22	0.55	4	2310005G07	
1492.	CCAAATGCTGG	3,21	0,47	1,29	0,39	Hs.178485	gene	2,49
'482.			j				cyclin G1	
						,	[Swissprot:	
	TTTTATGGGTA	3,21	0,47	4 20		LIA 70404	sp P51959;sp Q	
1493.	THAIGGGIA	3,21	0,47	1,29	<u> </u>	Hs.79101	96L	2,49
1-7-30.]			KIAA1001	
					l		protein	1
	GCAATGCAAAA	3,21	0,47	1,29	റം	₩ 6 270027	[Swissprot:	2.5
1494.	20,11100,7707	<u> </u>	<u> </u>	1,28	0,38		sp Q96EG1; biliverdin	2,49
							reductase B	
	AGGAGCAAAGG	3,21	0,86	1,33	0.50	Hs.76289	(flavin reductase	المد
		<u> </u>	0,001	.,00	0,00	1 13.7 0203	(naviii reductase	2,41

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

		,						
1495.							hypothetical protein	
	GAGGCCTCAGC	3,21	0,47	1,33	0.42	Hs.11184	FLJ20419 [Swisspro	2.44
1496.		0,21	0,77	1,00	0,42	113.11104	polymyositis/scle	2,41
	TOOTTTOOMAG	0.04	0.47	4.00			roderma	
1497.	TCCTTTCCAAC	3,21	0,47	1,33	0,40	Hs.75584	autoantigen 2 (2,41
		ŧ					methyltransferas	
	GCTCTGTAAGC	3,21	0,47	1,33	0,40	Hs.268149	e [Swissprot:	2,41
1498.				1			hypothetical	
							protein HSPC148	
	GAGAAATATAT	3,21	0,47	1,33	0,40	Hs.12247	[Swissprot	2,41
1499.	i i						ubiquitin-	-
		k.				, ·	conjugating enzyme E2N	
	AGCAGAGGCTA	3,21	0,47	1,34	0,41	Hs.75355	(UBC13	2,40
1500.							KIAA0763 gene	
							product	
	TGGGGAAATCA	3,21	0,47	1,34	0,41	Hs.4764	[Swissprot: sp O9	2,40
1501.			-				cytoskeleton-	2,10
	CATTAAATTCA	2 24	0.47	4 20	0.40	11- 04050	associated	
1502.	CATTAAATTCA	3,21	0,47	1,38	0,46	Hs.31053	protein 1 [Swis transforming	2,33
. •					•		growth factor,	
4500	GGGGCTGTATT	3,21	0,47	1,38	0,46	Hs.1103	beta 1 (Camu	2,33
1503.							ATPase, H+ transporting,	
	TATATCAGTGT	3,21	0,47	1,38	0,43	Hs.90336	lysosomal (vacu	2,33
1504.							farnesyl-	
	,				-		diphosphate	
	сттттестес	3,21	0,47	1,38	0.43	Hs.48876	farnesyltransfera	2,33
1505.			, ,	,			hypothetical	2,00
		*					protein	
	TGCTCTGAATA	3,21	0,47	1,38	0.43	Hs.288390	FLJ22795 [Swisspro	2,33
1506.			,	.,,,,,,	5,10	110.20000	eukaryotic	2,00
	CCAAATACTC	0.04	0.47				translation	
1507.	GGAAAATACTG	3,21	0,47	1,40	0,44	Hs.334437	initiation factor interferon	2,29
1001,							gamma receptor	
	AAAGCGTAAAG	3,21	0,47	1,40	0,44	Hs.298275	1 [Swissprot:	2,29
1508.				1			diaphanous	
				ľ	ļ		homolog 1 (Drosophila)	
	AGGGCAACTAT	3,21	0,47	1,40	0,44	Hs.26584	[Swis	2,29
1509.							3-oxoacid CoA	
	TTAAGAAATGC	3,21	0,47	1,40	0 44	Hs 177594	transferase [Swissprot: s	2,29
1510.			<u> </u>	1,50		110.177004	casein kinase 2,	2,29
							alpha 1	j
1511.	AAGGTCTTTAA	3,21	0,47	1,40	0,44	Hs.155140	polypeptide [S	2,29
1011.							hypothetical protein	
	TCACAAAAGAG	3,21	0,47	- 1	I		p	

		<u> </u>					[Swisspro	
1512.							KIAA0097 gene	
							product	
							[Swissprot:	
	ATACAACTAAT	3,21	0,47	1,42	0,46	Hs.76989	sp Q1	2,26
1513.							hypothetical	
							protein	
	GAATAAAATAG	3,21	0,47	1,42	0.46	Hs.181780	FLJ20241	2,26
1514.	G/V(I/VV(I/AG	0,21	0,47	1,72	0,40	113.101700	ESTs, Weakly	2,20
		1					similar to	
							PLCD_HUMAN	
	GTTGTAAAATA	3,21	0,47	1,46	0,53	Hs.7869	1-ACY	2,20
1515.						ļ	diacylglycerol	•
	TTTAGAGGTGG	0.04		4 40	. =0		kinase, zeta	
1516.	TTTACAGCTGG	3,21	0,47	1,46	0,53	Hs.277445	(104kD) [Sw	2,20
1516.]					ubiquitin B [Swissprot:	
•	GTAGCAAAAAA	3,21	0,47	1,46	0.53	He 183842	sp Q9BWD6;]	2,20
1517.	017,007,007,00	- 0,21	0,11	1,70	0,00	113.100042	Homo sapiens	2,20
							cDNA FLJ31762	
	TTTGGAGCATT	3,21	0,47	1,46	0,48	Hs.7773	fis, clone NT	2,20
1518.							hypothetical	
						:	protein	
ĺ	00004070770	امما				l	MGC8974	
1519.	GGCCAGTGTTG	3,21	0,47	1,46	0,48	Hs.40094	[Swissprot	2,20
1519.							lipocalin 2	
							(oncogene 24p3)	
	TGCCCTCAGGC	3,21	0,47	1,46	0.48	Hs.204238		2,20
1520.				-,,.0	0,10	110.201200	ESTs,	2,20
							Moderately	
,		1					similar to	
							CFAB_HUMAN	
4504	GACATTGCTGC	3,21	0,47	1,46	0,48	Hs.105737	C	2,20
1521.							SMC4 structural	
	GACTTTTAAAT	3,21	0,47	1,48	0.40	Hs.50758	maintenance of chromosom	2 17
1522.	0/101111/0441	0,21	0,47	1,70	0,43	118.30736	WW domain	2,17
							binding protein	
	GAGAAAGAGGC	3,21	0,47	1,48	0,49	Hs.334811	11 [Swissprot	2,17
1523.							ESTs	
			[[Swissprot:	
4504	CCGAAGTCGAG	3,21	0,47	1,48	0,49	Hs.169872	none]	2,17
1524.							hypothetical	
							protein FLJ20442	i
	TTGTCGATGGG	3,21	0,47	1,50	0,56	Hs.55505	[Swisspro	2,14
1525.		- 1- '	,		-,00	. 10.0000	protein tyrosine	۷,۱4
		- 1.				4 A .	phosphatase,	
	GTGCTTATAAA	3,21	0,47	1,50	0,50	Hs.79005	receptor t	2,14
1526.				T			RNase	
			ļ				MRP/RNase P	
	TCAGAAGTTCO	2 24	<u>, , , </u>	4 50	0.50	LIA 070040	protein-like	
1527.	TCAGAAGTTCC	3,21	0,47	1,50	0,50	Hs.279913	[Swisspr	2,14
1021.							hypothetical protein	
	1					li		
	ACACTTTTTTG	3,21	0,47	1,50	0.50	Hs.266914	FLJ10355	2,14

							[Swisspro	
1528.							four and a half	
							LIM domains 1	
	TAATGACAATA	3,21	0,47	1,50	0,50	Hs.239069		2,14
1529.		ŀ					hypothetical	
							protein	
	TGTGAATAAAG	3,21	0,47	1,50	0.50	Hs.22412	MGC3035 [Swissprot	2,14
1530.	IOIOAAIAAO	0,21	0,47	1,00	0,50	113.22-12	NADH	Z, 14
							dehydrogenase	;
							(ubiquinone) 1,	
	GAAGACGAATT	3,21	0,47	1,52	0,52	Hs.5556	alpha	2,11
1531.							chromosome 20	
	AGTATGTATGT	3,21	0.47	1,52	0.50	110 00000	open reading	0.44
1532.	AGIAIGIAIGI	3,21	0,47	1,52	0,52	Hs.26802	frame 97 [Sw hypothetical	2,11
1002.			· 1				protein	
							FLJ20003	
	GTTGTCTTTGA	3,21	0,47	1,52	0,52	Hs.258798	[Swisspro	2,11
1533.			}				hypothetical	
		•	1	ŀ			protein	
	TACAGGTTTTT	3,21	0,47	1,52	0.52	Hs.171566	LOC51241	2 11
1534.	TACAGGTTTT	3,21	0,47	1,32	0,52	115.17 1500	glycophorin C	2,11
10011							(Gerbich blood	
	GGGCCCCCTGG	3,21	0,47	1,54	0,53	Hs.81994	group) [Sw	2,08
1535.							zinc finger	
		201					protein 207	
1536.	CCACAGTAGAT	3,21	0,47	1,54	0,53	Hs.62112	[Swissprot: sp]	2,08
1556.			l				protein tyrosine phosphatase,	
	ATGGGTTTGCA	3,21	0,47	1,54	0.53	Hs.155894		2,08
1537.							hypothetical	_,,,,
		}					protein	
ŀ	TAAAAOTTOTO		0.47	4 =0			FLJ20666	
1538.	TAAAACTTGTG	3,21	0,47	1,56	0,54	Hs.274337		2,06
1556.							H-I(3)mbt-like protein	
	CCTGGAGGGGC	3,21	0,47	1,56	0.54	Hs.265327		2,06
1539.			, , ,	.,,			ribosomal	
		i					protein S13	
						l	[Swissprot:	
1540.	ATGGCGGCGAT	3,21	0,47	1,56	0,54	Hs.165590		2,06
1540.							p53 regulated PA26 nuclear	
	TTGCTGTAGAC	3,21	0,47	1,56	0.54	Hs.14125	protein [Swi	2,06
1541.				1,00			similar to rat	2,00
		l					nuclear	
							ubiquitous	
1540	TCAAATTAAAA	3,21	0,47	1,56	0,54	Hs.118064		2,06
1542.		· •]		•			development and	
							differentiation	
	CTGGGTTGTGA	3,21	0,47	1,56	0,54	Hs.10669	enhancin	2,06
1543.							host cell factor	
	TO 4 4 TO 2 2 2 :			,			homolog	
1544	TGAATGGCCTA	3,21	0,47	1,59		Hs.20597	[Swissprot: sp	2,02
1544.	AACCAGAGGTG	3,21	0,47	1,59	0,55	Hs.52763	anaphase-	2,02

							promoting complex subunit 7 [S	
1545.							B-cell	
							CLL/lymphoma	
				1	' 1		7B [Swissprot:	
	TTGAATTGAAC	3,21	0,47	1,59	0,55	Hs.16269	sp O	2,02
1546.			İ				RING1 and YY1	,
	TOCACGACTAT	3,21	0,47	1,61	0.57	Hs.7910	binding protein [Swisspro	1,99
1547.	TGCACGACTAT	3,21	0,47	1,01	0,57	113.7910	mitogen-	1,00
1047.				ļ			activated protein	
	GAATCGAAGTG	3,21	0,47	1,61	0,57	Hs.75217	kinase kinase	1,99
1548.							hypothetical	
							protein	
				ابما		==440	FLJ14466	4.00
4540	TGTGTGTGACA	3,21	0,47	1,61	0,57	Hs.55148	[Swisspro	1,99
1549.				-			acetyl- Coenzyme A	
	ı						acyltransferase	
	CTAGAAGTACA	3,21	0,47	1,61	0.57	Hs.32500	2 (mit	1,99
1550.							pleiotropic	
							regulator 1	
							(PRL1homolog,	
4==4	AGGATATCCAG	3,21	0,47	1,61	0,57	Hs.261285	Ar	1,99
1551.							hypothetical protein 628	
	ATGTTTAATTT	3,21	0,47	1,61	0,57	He 181349	[Swissprot: sp	1,99
1552.	AIGITIAATTI	0,21	0,77	1,01	0,07	113.101040	eukaryotic	1,00
1002.				.			translation	
	CTCAGCAAACT	3,21	0,47	1,61	0,57	Hs.173987	initiation factor	1,99
1553.			-				hypothetical	
	1						protein	
	TTTACCTCCCC	2 24	0,47	1,61	0,57	Hs.172572	FLJ20093 [Swisspro	1,99
1554.	TTTACCTGCCG	3,21	0,47	1,01	0,51	П5.11231Z	CREBBP/EP300	1,99
1004.							inhibitory protein	
	CACCAGCATTG	3,21	0,86	1,64	0,90	Hs.75847	1 [Swis	1,96
1555.							KIAA0102 gene	
1							product	
		أمما	0.47	4.04	0.00	77005	[Swissprot:	4.00
1556.	ACAGTCTTGCC	3,21	0,47	1,64	0,68	Hs.77665	sp Q1 mitogen-	1,96
1000.						!	activated protein	
	CAGAGGAAGGA	3,21	0,47	1,64	0.58	Hs.55039	kinase 12 [Sw	1,96
1557.		1					hypothetical	<u></u>
ļ							protein	
ł							MGC4707	
	TCTGGTAAAAA	3,21	0,47	1,64	0,58	Hs.291003		1,96
1558.					~		ESTs, Weakly similar to CA13	
	GCTGCCTGCCT	3,21	0,47	1,66	0.60	Hs.71962	MOUSE COLLA	1,93
1559.		0,21	0,71	1,00	0,00	113.7 1002	SOCS box-	1,00
1000.							containing WD	
	GATTTAAAAAA	3,21	0,47	1,66	0,60	Hs.187991	protein SWiP-1 [1,93
							glutathione S-	
1560	•	l .	1		i	1	1 T	
1560	TCCTGTAGCCA	3,21	0,47	1,66	-	Hs.169907	transferase A4 [Swissprot	1,93

4504		<u>1</u>	1				. 1 2	
1561.							ubiquitin-	
							conjugating	
					0.04		enzyme E2	
1=22	TTTTGGATGTA	3,21	0,47	1,69	0,61	Hs.75875	variant	1,90
1562.							short coiled-coil	
							protein	
	GAATAATCTTA	3,21	0,47	1,69	0,61	Hs.286013		1,90
1563.							leucine-rich	
							PPR-motif	
l	TTATTTTGAAG	3,21	0,47	1,69	0,61	Hs.182490	containing [Swis	1,90
1564.							hypothetical	
						l 	protein SP192	
	AAGACAGAGCA	3,21	0,47	1,69	0,61	Hs.169854		1,90
1565.							hypothetical	
İ		-					protein	
1							DKFZp434K046	
	CATTGCAGGAT	3,21	0,47	1,72	0,74	Hs.4288	[Swis	1,87
1566.							hypothetical	
							protein	
1							DKFZp434K121	
1===	GCCACGTTGTC	3,21	0,47	1,72	0,63	Hs.32352	0 [Swi	1,87
1567.		,					Homo sapiens	
							cDNA FLJ14201	
	TACCACACTAC	3,21	0,47	1,72	0,63	Hs.193063	fis, clone NT	1,87
1568.						*	ribosomal	
1							protein S15	
						l	[Swissprot:	
I	GCCGGCCCGGC	3,21	0,47	1,72	0,63	Hs.133230		1,87
1569.							KIAA1915	
						-	protein	
		0.04					[Swissprot:	
1550	CTGAAAATTCC	3,21	0,47	1,72	0,63	Hs.12915	sp Q96PX3;	1,87
1570.							cullin 2	
				4			[Swissprot:	
1554	ATACTGCTGCT	3,21	0,47	1,73	0,75	Hs.82919	sp[Q13617;]	. 1,86
1571.							secretory carrier	
	TTTOTOOACTT			4 70		11. 000040	membrane	4.00
4.570	TTTCTGCACTT	3,21	0,47	1,73	0,75	HS.306019	protein 4 [S	1,86
1572.		•					brefeldin A-	
							inhibited	
	OTTTOOOOAOO	0.04	0.47	4 75		11-04004	guanine	4 00
4570	GTTTGCGGAGG	3,21	0,47	1,75	0,64	Hs.94631	nucleotide	1,83
1573.							surfeit 5	
							[Swissprot:	
	TOGALOGTAGO	2.04	0.47	4 75	0.04	He 30054	sp O75753;sp Q	4 00
4574	TGGAAGCTAGG	3,21	0,47	1,75	0,64	Hs.78354	155	1,83
1574.	1				İ	1	splicing factor,	
	ACCAMACTOTO	204		4 75	0.04	11- 77000	arginine/serine-	4 00
4575	ACCAAACTGTG	3,21	0,47	1,75	0,64	Hs.77608	rich 9	1,83
1575.							Homo sapiens	
1							mRNA; cDNA	
	GAGGCAGAAGA	2.04	0.47	4 75	0.04	LID 242444	DKFZp586K232	4 00
1E70	GAGGCAGAAGA	3,21	0,47	1,75	0,64	Hs.343411	2 (f	1,83
1576.	•						zinc finger	
	CCCATCCCCC	0.04		4	000	115 40400	protein 205	4 00
1577	GCGATGGGGGA	3,21	0,47	1,75	0,64	Hs.13128	[Swissprot: sp]	1,83
1577.		2.04	0.4-	4 7-	0.04	110 400004	CGI-86 protein	4 00
	GAATGAAATAA	3,21	0,47	1,75	0,64	Hs.109201	[Swissprot:	1,83

	· .		· - 1				sp Q9UKU2;sp	
1578.					-		ADP-	·
							ribosyltransferas	
				1			e (NAD+; poly	
1579.	CTTCTATGTAG	3,21	0,47	1,78	0,66	Hs.77225	(ADP-	1,80
15/9.							hypothetical protein	
							FLJ22643	
	GAAGAAACTGG	3,21	0,47	1,78	0,66	Hs.43579	[Swisspro	1,80
1580.							ESTs	
	000000000		0.47	4.70	0.00		[Swissprot:	4.00
1581.	GGGAGGAGGGT	3,21	0,47	1,78	0,66	Hs.296370	none] ribosomal	1,80
1301.	~						protein L37a	
	CCAAGATGGAT	3,21	0,47	1,78	0,66	Hs.296290		1,80
1582.					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		(Manual	
						·	assignment)	
	00070407007	2 04	0.47	4 70	0.00	04440	MEMOREC	4.00
1583.	CCCTCACTCCT	3,21	0,47	1,78	0,66	Hs.21143	PSL4 preseni paired basic	1,80
1363.							amino acid	
	AGATAATGTTA	3,21	0,47	1,81	0,67	Hs.59242	cleaving enzyme	1,77
1584.							hypothetical	
							protein	
	TTCAGGAGGG	2 21	0,47	404	0.67	Ha 5000	FLJ23306	4 77
1585.	TTCAGGAGGGG	3,21	0,47	1,81	0,67	Hs.5890	[Swisspro GAS2-related on	1,77
1000.							chromosome 22	
	GCACAATGGGA	3,21	0,47	1,81	0,67	Hs.322852		1,77
1586.			·				KIAA1932	
İ							protein	
	GATGGAGCCCT	3,21	0,47	1,81	0,67	Hs.306121	[Swissprot: sp Q96B70;	1,77
1587.	CATCOACCOT	0,21	0,47	1,01	0,07	118.500121	CMP-N-	1,77
							acetylneuraminic	
							acid synthase	
4500	CCCTTCTATTA	3,21	0,47	1,81	0,67	Hs.12492	[S	1,77
1588.		,					ESTs	
	CGTTTAATGTG	3,21	0,47	1,81	0.67	Hs.11637	[Swissprot: none]	1,77
1589.			0,11	.,01	0,01	110.11001	hypothetical	1,77
		-				ı.	protein	
							MGC14797	
4500	CATAGTTTTAG	3,21	0,47	1,81	0,67	Hs.106823		1,77
1590.							dual specificity phosphatase 14	
	TGCCCAGGATT	3,21	0,47	1,82	0.82	Hs.91448	[Swissp	1,76
1591.							hypothetical	.,, .
	•						protein	
	10770001171	0.04					FLJ11618	
1592.	ACTTGCGAATA	3,21	0,47	1,84	0,83	Hs.77735	[Swisspro	1,74
1082.]	ļ					hypothetical protein	
1							FLJ10579	
	TGAATTCTACC	3,21	0,47	1,87	0,70	Hs.8055	[Swisspro	1,72
1593.							ESTs	
							[Swissprot:	
1	TTGTCCTGGAT	3,21	0,47	1,87	~ ~~	Hs.296326	none]	1,72

7								
1594.							D15F37	
							(pseudogene)	
	TTTGTATAGAA	3,21	0,47	1,87	0.70	Hs.286132	[Swissprot: sp[O150	1,72
1595.		5,21	5,47	1,07	0,10	1 13.200 132	ESTs	1,72
							[Swissprot:	
	TCATCTGTGAA	3,21	0,47	1,87	0,70	Hs.278420	none]	1,72
1596.							pVHL-interacting	
					,		deubiquitinating	
1597.	ATGGCTTTGTT	3,21	0,47	1,87	0,70	Hs.173694		1,72
1597.							ankyrin repeat and BTB (POZ)	
	CACAGGGCCAT	3,21	0,47	1,87	0.70	He 107812	domain cont	1,72
1598.		0,21	0,-17		0,70	113.107012	collagen, type	1,72
							XII, alpha 1	-
	TTTGTGTTGTA	3,21	0,47	1,87	0,70	Hs.101302	[Swissprot:	1,72
1599.							syntaxin binding	
	A A C A TT CT A A C						protein 3	
1600.	AACATTCTAAG	3,21	0,47	1,89	0,87	Hs.8813	[Swissprot:	1,70
1000.							protein-L-	
	CAAGGTGAAAG	3,21	0,47	1,91	0 72	Hs.79137	isoaspartate (D- aspartate) O-m	1,68
1601.		J,= 1				. 10.70107	hypothetical	1,00
	,						protein	
							MGC10940	
1000	AATCGCTAATA	3,21	0,47	1,91	0,72	Hs.47986	[Swisspro	1,68
1602.							methyl-CpG	
	TGGTGAGACCC	3,21	0,47	1,91	0.72	Hs.35947	binding domain	4.00
1603.	TOOTOAGACCC	3,21	0,47	1,91	0,72	HS.30947	protein 4 [Sw kinesin-	1,68
.000.						*	associated	
				1			protein 3	
	AGCCTCAAAAC	3,21	0,47	1,91	0,72	Hs.171374		1,68
1604.	, ,						ribosomal	
							protein L7	
	GTTCCAGCCGG	2 21	0.47	4.04	0.70	11a 450	[Swissprot:	
1605.	GITCCAGCCGG	3,21	0,47	1,91	0,72	Hs.153	sp P18	1,68
1000.			ı				laminin, beta 1 [Swissprot:	
	CTTGTAACAGA	3,21	0,47	1,92	0.89	Hs.82124	sp P07942;]	1,67
1606.							DEAD/H (Asp-	1,01
							Glu-Ala-Asp/His)	
	AATACACAGAG	3,21	0,47	1,94	0,74	Hs.289097	box polypep	1,65
				- 1			hypothetical	
1607.		i	i	I				
1607.							protein	
1607.	GAGAGGAAACT	3.21	0.47	1 94	0 74	Hs 275425	LOC51061	1 RE
	GAGAGGAAACT	3,21	0,47	1,94	0,74	Hs.275425	LOC51061 [Swisspro	1,65
	GAGAGGAAACT	3,21	0,47	1,94	0,74	Hs.275425	LOC51061 [Swisspro mitogen-	1,65
1608.	GAGAGGAAACT TCAGATAGGAC	3,21	0,47	1,94			LOC51061 [Swisspro	1,65 1,65
1608.							LOC51061 [Swisspro mitogen- activated protein kinase-activat SR rich protein	
1608.	TCAGATAGGAC	3,21	0,47	1,94	0,74	Hs.227789	LOC51061 [Swisspro mitogen- activated protein kinase-activat SR rich protein [Swissprot:	1,65
1607. 1608. 1609.					0,74		LOC51061 [Swisspro mitogen- activated protein kinase-activat SR rich protein [Swissprot: sp Q96Sl3;s	
1608.	TCAGATAGGAC	3,21	0,47	1,94	0,74	Hs.227789	LOC51061 [Swisspro mitogen- activated protein kinase-activat SR rich protein [Swissprot: sp Q96S 3;s arylsulfatase A	1,65
1608. 1609.	TCAGATAGGAC	3,21	0,47	1,94	0,74	Hs.227789 Hs.18368	LOC51061 [Swisspro mitogen- activated protein kinase-activat SR rich protein [Swissprot: sp Q96Sl3;s arylsulfatase A [Swissprot:	1,65 1,65
1608. 1609.	TCAGATAGGAC	3,21	0,47	1,94	0,74	Hs.227789	LOC51061 [Swisspro mitogen- activated protein kinase-activat SR rich protein [Swissprot: sp Q96S 3;s arylsulfatase A	1,65

							directed) polyp	
1612.							tyrosine 3-	
							monooxygenase	
	TTAGGCAAGTA	3,21	0,47	1,98	0,76	Hs.75103	/tryptophan 5-mo	1,62
1613.						İ	hypothetical	
ĺ	1			ŀ			protein BC004409	
	сттееттетее	3,21	0,47	1,98	0.76	Hs.301693		1,62
1614.	01100110100	0,21	0,47	1,00	0,70	113.501035	chromosome 20	1,02
							open reading	
	GAAGAACAGAG	3,21	0,47	1,98	0,76	Hs.29341	frame 81 [Sw	1,62
1615.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	,
	CTGTATTAAAA	3,21	0,47	1,98	0.76	Hs.28264	DKFZp564L082 2 (f	1 60
1616.	OTOTATIAAAA	3,21	0,47	1,90	0,70	175.20204	zinc finger	1,62
							protein 278	
<u> </u>	TGAGCAAGCCC	3,21	0,47	1,98	0,76	Hs.27801	[Swissprot: sp	1,62
1617.		-					ESTs	
ĺ	00000000000	0.04		4.00	0 =0		[Swissprot:	
1618.	GAAAAATCAAA	3,21	0,47	1,98	0,76	Hs.237396		1,62
1010.						: :	growth suppressor 1	
							Suppressor	
	GTTTTTTTAA	3,21	0,47	1,98	0,76	Hs.10114	sp Q96B	1,62
1619.							necdin homolog	
	A 0.0TT0.0T0.00		0.47				(mouse)	
1620.	ACCTTGCTGGG	3,21	0,47	2,02	0,77	Hs.50130	[Swissprot: sp Q	1,59
1020.							methyl-CpG binding domain	
	TTTATTTTGAG	3,21	0,47	2,02	0.77	Hs.25674	protein 2 [Sw	1,59
1621.					,	11012007 1	ESTs, Highly	1,00
			,				similar to	
					1		ROA3_HUMAN	
1622.	TGTTATTAAAC	3,21	0,47	2,02	0,77	Hs.249247	HETER	1,59
1022.			-				COP9 constitutive	
							photomorphoge	
	GATTGATGTCT	3,21	0,47	2,02	0,77	Hs.198767	nic homol	1,59
1623.							0-	
							sialoglycoprotein	
	GGAGTCCTAGC	2 24	0.47	2 00	0.77	11 400004	endopeptidase	
1624.	GGAGTCCTAGC	3,21	0,47	2,02	0,77	Hs.108894	[Swis Homo sapiens	1,59
102-1.				İ			cDNA FLJ13492	
L .	GAGCATAATAA	3,21	0,47	2,04	0,98	Hs.170065	fis, clone PL	1,57
1625.							TGFB-induced	.,,,,
			_				factor (TALE	
1600	ACATAATAAAG	3,21	0,47	2,06	0,79	Hs.90077	family homeobo	1,56
1626.						,	hypothetical	
							protein FLJ10402	
	TATTTTTCTAG	3,21	0,47	2,06	0.79	Hs.7579	[Swisspro	1,56
1627.							ubiquitin specific	.,,55
							protease 1	ĺ
4000	GACTAATTTGT	3,21	0,47	2,06	0,79	Hs.35086	Swisspro	1,56
1628.	GATGAATGAGT	2 24	0.45	3 00	0 -20	11- 00000	zinc finger	,
L	CATGAATGAGT	3,21	0,47	2,06	0,79	Hs.29222	protein 76	1,56

123

		····	r				(aumanand in	
							(expressed in tes	
1629.							ESTs, Highly	
							similar to	
				l			ROA3_HUMAN	
1000	GTTTTAGTGAA	3,21	0,47	2,06	0,79	Hs.249247		1,56
1630.	·						sema domain,	
	TGACAGAGTGG	3,21	0,47	2,06	0.70	He 1605/0	immunoglobulin domain (lg),	1,56
1631.	TOAOAOAOTOO	0,21	0,47	2,00	0,73	113.103348	ubiquitin-	1,00
				l			conjugating	
				,			enzyme E2D 3	
	GGAGTAATAAT	3,21	0,47	2,06	0,79	Hs.118797		1,56
1632.	TAACCAAATAC	0.04	0.47	0.40	0.04	11. 044400	EST [Swissprot:	4.50
1633.	TAACCAAATAC	3,21	0,47	2,10	0,81	Hs.344132		1,53
1033.							Homo sapiens, clone	
							IMAGE:4431242	
	TGATGAGTGCT	3,21	0,47	2,10	<u>0,</u> 81	Hs.296273		1,53
1634.							mitochondrial	
	TOTOGOTOLOT	0.04	0.47	0.40	0.04		ribosomal	
4605	TGTGGGTCACT	3,21	0,47	2,10	0,81	Hs.278328		1,53
1635.			;				protein kinase, interferon-	
,	TAACAAAGAAC	3,21	0,47	2,10	0.81	Hs.18571	inducible dou	1,53
1636.				-,		110.10071	dual specificity	1,00
	•						phosphatase 6	
	GGCTCACTTTA	3,21	0,47	2,10	0,81	Hs.180383		1,53
1637.							Homo sapiens	
							Nbla00003 mRNA, complete	
	TATTTATTGAC	3,21	0,47	2,10	0.81	Hs.107088	cd	1,53
1638.							zinc finger	1,00
			1				protein 91	
							homolog	
1639.	GGAGAGACAGG	3,21	0,47	2,14	1,05	Hs.46366	(mouse)	1,50
1639.				l			nucleophosmin (nucleolar	
	TTTGATAAATG	3,21	0,47	2,14	0.83	Hs.9614	phosphoprotein	1,50
1640.			-,		0,00	1.0.001.	uridine-cytidine	1,00
ļ			_				kinase 1	
4011	TGAACACCCGT	3,21	0,47	2,14	0,83	Hs.9597	[Swissprot: s	1,50
1641.							diphtheria toxin	
	стсстттстве	3,21	0,47	2,14	U 83	Hs.799	receptor (heparin-bindi	1,50
1642.	01001110100	3,21	0,47	۷, ۱۴	0,03	110.133	Homo sapiens	1,50
							cDNA:	
į							FLJ22844 fis,	
7-3-	TGTAATATGGC	3,21	0,47	2,14	0,83	Hs.296322	clone K	1,50
1643.						'	ESTs	
	CATCCTGACCT	3,21	0,47	2,14	0.00	∐ o 20092 <i>E</i>	[Swissprot:	4 50
1644.	CATOOTGACOT	<u> </u>	0,41	۷, ۱۴	0,03	Hs.290825	none] Homo sapiens	1,50
							cDNA:	
				_			FLJ22355 fis,	
	TGCTTGTGGTT	3,21	0,47	2,14	0.83	Hs.288283		1,50
	10011010011							
1645.	TAACAGGAAAT	3,21	0,47	2,14			Homo sapiens cDNA FLJ31121	1,50

1647. ATT 1648. AAC 1649. CAA 1650. CAC 1653. CAC 1654. CAC 1655. CTA 1656.	TATATTCAA CACAGTGCC AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA GATTTCCAA	3,21 3,21 3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47 0,47 0,47	2,14 2,14 2,14 2,18 2,18	0,83 0,83 0,85	Hs.17719 Hs.11261 Hs.102541 Hs.8752 Hs.6353	fis, clone IM EBP50-PDZ interactor of 64 kD [Swisspro small proline-rich protein 2A [Swisspro netrin 4 [Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,50 1,50 1,47
GT 1647. 1648. AAC 1649. 1650. GA 1651. AGG 1652. CTC 1653. CAC 1654. CAC 1655. CTC 1656.	CACAGTGCC AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21 3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47	2,14 2,14 2,18 2,18	0,83 0,83 0,85	Hs.11261 Hs.102541 Hs.8752 Hs.6353	interactor of 64 kD [Swisspro small proline-rich protein 2A [Swisspro netrin 4 [Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,50 1,50 1,47
1647. ATT 1648. AAC 1649. CAA 1650. CTC 1653. CAC 1654. CTC 1656. CTA 1656.	CACAGTGCC AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21 3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47	2,14 2,14 2,18 2,18	0,83 0,83 0,85	Hs.11261 Hs.102541 Hs.8752 Hs.6353	kD [Swisspro small proline-rich protein 2A [Swisspro netrin 4 [Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,50 1,50 1,47
1647. ATT 1648. AAC 1649. CAA 1650. CTC 1653. CAC 1655. CTC 1656.	CACAGTGCC AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21 3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47	2,14 2,14 2,18 2,18	0,83 0,83 0,85	Hs.11261 Hs.102541 Hs.8752 Hs.6353	small proline-rich protein 2A [Swisspro netrin 4 [Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,50 1,50 1,47
ATT 1648. AAC 1649. CAA 1650. GAT 1651. AGG 1652. CTG 1653. CAC 1654. CAC 1655. CTA 1656.	CACAGTGCC AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21 3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47	2,14 2,18 2,18 2,18	0,83 0,85 0,85	Hs.102541 Hs.8752 Hs.6353	protein 2A [Swisspro netrin 4 [Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,50 1,47
1648. AAC 1649. CAA 1650. GAA 1651. AGG 1652. CTC 1653. CAC 1654. CAC 1656.	CACAGTGCC AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21 3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47	2,14 2,18 2,18 2,18	0,83 0,85 0,85	Hs.102541 Hs.8752 Hs.6353	[Swisspro netrin 4 [Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,50 1,47
1648. AAC 1649. CAA 1650. GAA 1651. AGG 1652. CTC 1653. CAC 1654. CAC 1656.	CACAGTGCC AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21 3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47	2,14 2,18 2,18 2,18	0,83 0,85 0,85	Hs.102541 Hs.8752 Hs.6353	netrin 4 [Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,50 1,47
AAC 1649. CAA 1650. GAA 1651. AGG 1652. CTC 1653. CAC 1654. CAC 1656.	AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21	0,47 0,47	2,18 2,18 2,18	0,85 0,85	Hs.8752 Hs.6353	[Swissprot: sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
1649. CAA 1650. GAA 1651. AGG 1652. CTG 1653. CAG 1654. CAG 1655. CTAG 1656.	AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21	0,47 0,47	2,18 2,18 2,18	0,85 0,85	Hs.8752 Hs.6353	sp Q9BZP1;sp Q 9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
1649. CAA 1650. GAA 1651. AGG 1652. CTG 1653. CAG 1654. CAG 1655. CTAG 1656.	AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21	0,47 0,47	2,18 2,18 2,18	0,85 0,85	Hs.8752 Hs.6353	9HB6 transmembrane protein 4 [Swissprot: sp] MORF-related gene 15 [Swissprot: sp]Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
1649. CAA 1650. GAA 1651. AGG 1652. CTG 1653. CAG 1654. CAG 1655. CTAG 1656.	AACATCCGT TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21	0,47 0,47	2,18 2,18 2,18	0,85 0,85	Hs.8752 Hs.6353	transmembrane protein 4 [Swissprot: sp] MORF-related gene 15 [Swissprot: sp]Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
GA 1650. GA 1651. AG 1652. CT 1653. CA 1654. CA 1655. CT 1656.	TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21	0,47	2,18 2,18	0,85	Hs.6353	protein 4 [Swissprot: sp] MORF-related gene 15 [Swissprot: sp]Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	
GA' 1651. AG(1652. CT(1653. CA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21	0,47	2,18 2,18	0,85	Hs.6353	[Swissprot: sp MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	,
GA' 1651. AG(1652. CT(1653. CA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	TGACTTGCA CAAAAAAAA CAATAAATA	3,21	0,47	2,18 2,18	0,85	Hs.6353	MORF-related gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	,
GA ¹ 1651. AG(1652. CT(1653. CA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	CAAAAAAAA	3,21	0,47	2,18			gene 15 [Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
1651. AG(1652. CT(1653. CA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	CAAAAAAAA	3,21	0,47	2,18			[Swissprot: sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
1651. AG(1652. CT(1653. CA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	CAAAAAAAA	3,21	0,47	2,18			sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
1651. AG(1652. CT(1653. CA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	CAAAAAAAA	3,21	0,47	2,18			sp Q9H Homo sapiens cDNA FLJ20679	1,47
AG0 1652. CT0 1653. CA0 1654. GA0 1655. CT7 1656.	CAATAAATA	3,21	0,47	2,18			Homo sapiens cDNA FLJ20679	.,,,,,
1652. CT(1653. GA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	CAATAAATA				0,85	Un 200400	cDNA FLJ20679	
1652. CT(1653. GA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	CAATAAATA				0,85	Un 200400		
1652. CT(1653. GA(1654. GA(1655. CT/ 1656.	CAATAAATA				- 0,00	. ms 306400	fis, clone KA	1,47
CA0 1653. CA0 1654. GA0 1655. CT/ 1656.		3,21	0,47			113.000400	HMT1 hnRNP	1,47
1653. CA0 1654. GA0 1655. CT/ 1656.		3,21	0,47				methyltransferas	
1653. CA0 1654. GA0 1655. CT/ 1656.		0,21	0,47	2,18	0.85	Hs.235887	e-like 1 (S.	4 47
GA(1654. GA(1655. CT/1656.	GATTTCCAA			2,10	0,00	HS.233007		1,47
GA(1655.	GATTTCCAA						hypothetical	
GA(1655.	GATTTCCAA						protein	
GA(1655.	GATTICCAA	204	0.47		0.05	04000	DKFZp761N062	
GA(1655.		3,21	0,47	2,18	0,85	Hs.21893	4 [Swi	1,47
1655. CT/ 1656.			,				KIAA1102	
1655. CT/ 1656.							protein	*
1655. CT/ 1656.	007077700						[Swissprot:	
CT/ 1656.	GGTGTTTGC	3,21	0,47	2,18	0,85	Hs.202949	sp Q9UPQ0;	1,47
1656.			l		!		glycogenin	
1656.		1				, i	[Swissprot:	
	AAAATGCTT	3,21	0,47	2,18	0,85	Hs.174071	sp[P46976;]	1,47
GC					,		receptor	
GC							(calcitonin)	
IGC							activity	
	ACAAGTTCT	3,21	0,47	2,18	0,85	Hs.155106	modifying	1,47
1657.							v-raf-1 murine	
			ŀ				leukemia viral	
TG-	TATACAAGG	3,21	0,47	2,23	0,87	Hs.85181	oncogene h	1,44
1658.					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		gem (nuclear	
			l				organelle)	
GC.	AATAATGGT	3,21	0,47	2,23	0.87	Hs.302421	associated prote	1,44
1659.							hypothetical	1,777
							protein	
l		1					FLJ20274	
I Iдтт	TCTCTGAGG	3,21	0,47	2,23	0,87	Hs.268371	1	4 44
1660.	101010/100	3,21	0,77	2,20	0,07	115.200371	[Swisspro	1,44
1000.			1				hypothetical	
1 1			i				protein	
$ _{\tau_{\Lambda}}$	ACCACCACA	ا م مرا		0.00			FLJ22457	
	AGGACGAGA	3,21	0,47	2,23	0,87	Hs.238707	[Swisspro	1,44
1661.							Homo sapiens	
							cDNA FLJ11903	
		3,21	0,47	2,23	0,87	Hs.193482	fis, clone HE	1,44
1662.	AAAAGCAGG			_ [ribosomal	
[CG	AAAAGCAGG CTGGTTCCC	3,21	0,47	2,23	0,87	Hs.179943	protein L11	1,44

1664. CC 1665. TC 1666. GC 1667. CC 1668.	CTATGATCCC CAGTGCGCAG CCTGCTCCCT	3,21 3,21 3,21	0,47 0,47 0,47	2,23 2,23 2,25	0,87 0,87 1,13		[Swissprot: sp P3 KIAA0431 protein [Swissprot: sp O43313; hypothetical gene supported by BC007071 Homo sapiens cDNA FLJ12961 fis, clone NT	1,44
1664. CC 1665. TC 1666. GG 1667. C./ 1668.	CAGTGCGCAG	3,21	0,47	2,23 2,25	0,87	Hs.117305	KIAA0431 protein [Swissprot: sp O43313; hypothetical gene supported by BC007071 Homo sapiens cDNA FLJ12961	1,44
1664. CC 1665. TC 1666. GG 1667. C./ 1668.	CAGTGCGCAG	3,21	0,47	2,23 2,25	0,87	Hs.117305	protein [Swissprot: sp O43313; hypothetical gene supported by BC007071 Homo sapiens cDNA FLJ12961	1,44
1664. CC 1665. TC 1666. GC 1667. CC 1668.	CAGTGCGCAG	3,21	0,47	2,23 2,25	0,87	Hs.117305	[Swissprot: sp O43313; hypothetical gene supported by BC007071 Homo sapiens cDNA FLJ12961	1,44
1664. CC 1665. TC 1666. GC 1667. CC 1668.	CAGTGCGCAG	3,21	0,47	2,23 2,25	0,87	Hs.117305	sp O43313; hypothetical gene supported by BC007071 Homo sapiens cDNA FLJ12961	1,44
1665. 1666. 1667. 1668.	CAGTGCGCAG	3,21	0,47	2,23 2,25	0,87	Hs.117305	hypothetical gene supported by BC007071 Homo sapiens cDNA FLJ12961	1,44
1665. TC 1666. GG 1667. C/ 1668.	CAGTGCGCAG	3,21	0,47	2,25			by BC007071 Homo sapiens cDNA FLJ12961	
1665. TC 1666. GG 1667. C./ 1668.	CAGTGCGCAG	3,21	0,47	2,25			Homo sapiens cDNA FLJ12961	
1666. GG 1667. C/	сствстссст				1,13	Hs.5534	cDNA FLJ12961	4.45
1666. G/ 1667. C/ 1668.	сствстссст				1,13	Hs.5534	1	
1666. G/ 1667. C/ 1668.	сствстссст				1,13	Hs.5534	∣fis, clone NT ⊟	
G(1667. C/ 1668.		3,21	0,47			1		1,43
1667. CA 1668.		3,21	0,47				hypothetical	
1667. CA 1668.		3,21	0,47	ŀ			protein	
1667. CA 1668.		3,21	0,47	2,25	1 12	Hs.16725	FLJ10111 [Swisspro	1 12
1668.	ATTTTTCCCC			2,20	1,10	HS. 10723	ATPase, H+	1,43
1668.	ATTTTTCCCC		,				transporting,	
1668.	,	3,21	0,47	2,28	0.89	Hs.90336	lysosomal (vacu	1,41
	· 1	<u> </u>			-	1.10.00000	KIAA0887	
Т	1						protein	
	1	ŀ					[Swissprot:	
	GATAATTTAC	3,21	0,47	2,28	0,89	Hs.76591	sp O94963;	1,41
1669.	,						phosphatidylinos	
							itol glycan, class	
	AATCCTGCAG	3,21	0,47	2,28	0,89	Hs.62187	K [S	1,41
1670.							ESTs, Weakly	
	0000000000	0.04	0.47	0.00	0.00		similar to 149130	
1671.	CATCTACAAA	3,21	0,47	2,28	0,89	Hs.339163		1,41
1671.						-	hypothetical protein	
							FLJ10743	
lτα	GTTCTTTGCA	3,21	0,47	2,28	0,89	Hs.3376	[Swisspro	1,41
1672.		<u> </u>	- 0,11		0,00	110.0070	two-pore	1,71
							channel 1,	
							homolog	
	GGACAATCAT	3,21	0,47	2,28	0,89	Hs.26440	[Swissprot:	1,41
1673.							hypothetical	
							protein	
۱ .							LOC51239	
	TGCTGGGCAG	3,21	0,47	2,28	0,89	Hs.172918		1,41
1674.		I					chemokine-like	
	AAAAAAAGAA	3,21	0.47	2 20	0.00	Un 15150	factor 1	4 44
1675.	AAAAAAAAA	3,21	0,47	2,28	0,69	Hs.15159	[Swissprot: sp	1,41
1075.							Homo sapiens cDNA:	
1							FLJ23249 fis,	
	CTGTAAAGCC	3,21	0,47	2,33	1.17	Hs.9691	clone C	1,38
1676.			<u> </u>	,	.,,,,	,	hypothetical	1,00
							protein	
		ĺ					FLJ22347	
	CCCCTGAAGG	3,21	0,47	2,33	1,17	Hs.106004	[Swisspro	1,38
1677.							hypothetical	
-							protein	
							FLJ20080	
	CCAAGGTCTT	3,21	0,47	2,33	0,91	Hs.7942	[Swisspro	1,38
1678.	OTTO A T	ایم		0			KIAA0494 gene	
L IA	CTTGATTTGA	3,21	0,47	2,33	0,91	Hs.62515	product	1,38

		· I			······································		[Cwicoprot:	
			ļ		1		[Swissprot: sp O7	
1679.							Homo sapiens	
10/9.	•	İ					cDNA FLJ11344	
	AAAGCCAGCTC	3,21	0,47	2,33	0.91	Hs.30503	fis, clone PL	1,38
1680.	777400070010	0,21	- 0,77	2,00	0,01	110.0000	TRAF family	
1000.			ļ				member-	
			Ī				associated	
1	ATGAAATTAAT	3,21	0,47	2,33	0.91	Hs.146847	NFKB activ	1,38
1681.	7,10,000,11,00				-,-:		oral-facial-digital	
				ļ			syndrome 1	
	TTTGCTGCCCA	3,21	0,47	2,38	0,94	Hs.6483	[Świsspr	1,35
1682.							DKFZP566F084	
							protein	,
							[Swissprot:	
	GTCATATTTCC	3,21	0,47	2,38	0,94	Hs.32990	sp Q9B	1,35
1683.							fatty acid	
		ĺ					desaturase 1	
	AATTCCAACTC	3,21	0,47	2,38	0,94	Hs.132898		1,35
1684.							Homo sapiens,	
		,					clone	
							MGC:15854	
	CTGTGTAAAGC	3,21	0,47	2,38	0,94	Hs.12797	IMAGE:3509	1,35
1685.							ferritin, light	
					4		polypeptide	4.05
	AGCTCCCAGAT	3,21	0,47	2,38	0,94	Hs.111334	[Swissprot:	1,35
1686.						_	hypothetical	
			-		-		protein	
1	CAACCTCCTCT	2.04	0.47	2 20	0.04	LIG 400EG	FLJ14621	1,35
1607	GAAGGTCCTGT	3,21	0,47	2,38	0,94	Hs.10056	[Swisspro WD repeat	1,30
1687.				ļ			domain 13	
ŀ				į			[Swissprot:	
1	CTGAAAAAAA	3,21	0,47	2,41	1 23	Hs.12142	sp Q9BU	1,33
1688.	010/444444	<u> </u>	0,77	-,	1,20	110,12112	DKFZP564O092	
1000.							protein	ĺ
Ì							[Swissprot:	
	TGGAAAGAGCC	3,21	0,47	2,44	1.24	Hs.9043	sp Q9Y	1,32
1689.		· · · · · · · ·	•				GRIP-associated	
							protein 1	
į	TTCAGCGTTCT	3,21	0,47	2,44	1,24	Hs.109929	[Swissprot: s	1,32
1690.				1			enhancer of	
}							filamentation 1	
	TGGGAAGAGGG	3,21	0,47	2,44	0,96	Hs.80261	(cas-like do	1,32
1691.						*	fem-1 homolog b	
		•					(C. elegans)	
	GCAATTGACAG	3,21	0,47	2,44	0,96	Hs.6048	[Swissprot	1,32
1692.							small nuclear	
	İ						RNA activating	
	CTATAAACTGC	3,21	0,47	- 2,44	0,96	Hs.30174	complex, po	1,32
1693	•						hypothetical	
							protein	
		0.04					FLJ21156	4.00
1.55	AAAAGAAGTTC	3,21	0,47	2,44	0,96	Hs.26058	[Swisspro	1,32
1694	1						major	
1	TOAAAACTACT	3,21	0.47	2,50	4.00	Hs.914	histocompatibilit y complex, class	4.00
i i		1 371	0,47	ェーフ 501	178	LHS 914	IV COITIDIEX, CIRSS	1,28
1695	TGAAAACTACT CACAAAATAAA	3,21	0,47			Hs.87496	ESTs	1,28

1 1	T			····		<u> </u>	[Swissprot:	
į							none]	
1696.							v-ets	
.000.							erythroblastosis	
							virus E26	
	TCATTTCAGAA	3,21	0,47	2,50	0,98	Hs.85146	oncogen	1,28
1697.							KIAA1012	
				,			protein	
v							Swissprot:	
	CTATTCACTGT	3,21	0,47	2,50	0,98	Hs.42959	sp Q9Y2L5;	1,28
1698.							programmed cell	
	` l						death 4	
	TGAAGCAGTAT	3,21	0,47	2,50	0,98	Hs.326248	(neoplastic tran	1,28
1699.							KIAA0802	
							protein	
							[Swissprot:	
	ATGATGCCTCT	3,21	0,47	2,50	0,98	Hs.27657	sp Q9Y4B5;	1,28
1700.							isoprenylcystein	
							e carboxyl	
	GGTTTGGAAGA	3,21	0,47	2,50	0,98	Hs.183212	methyltransfe	. 1,28
1701.							putative tumor	
							suppressor	
	TGTCTGGATGA	3,21	0,47	2,50	0,98	Hs.149443	[Swissprot: s	1,28
1702.						_	hypothetical	
							protein	
							FLJ22969	
	GCCTTGGTAAA	3,21	0,47	2,50	0,98	Hs.146170		1,28
1703.							putative	
							lymphocyte	
		204			4.04		G0/G1 switch	
4704	ACATTTCCAAC	3,21	0,47	2,56	1,01	Hs.95910	gene [1,25
1704.							progesterone	
	1						receptor	
	00704000400	0.04	0.47	0.50		0074	membrane	4.0=
1705	GGTGAGGGAGG	3,21	0,47	2,56	1,01	Hs.9071	component	1,25
1705.							cadherin 5, type	
	ACAACTACTCT	2 24	0.47	0.50	4.04	 7000	2, VE-cadherin	4.05
1706.	ACAAGTACTGT	3,21	0,47	2,56	1,01	Hs.76206	(vascula	1,25
1700.	·						hypothetical	
						4	protein BC009231	
	TTGTAAGAGGG	3,21	0,47	2,56	1.01	Hs.65907	[Swisspro	1,25
1707.	TTOTAGAGGG	0,21	0,47	2,00	1,01	118.00801	hypothetical	1,20
11707.							protein	l
							MGC15875	
	CACACCCATTA	3,21	0,47	2,56	1.01	Hs.315054		1,25
1708.	JA ISTOCIAL IA	0,21	0,47	2,00	1,01	113.01004	katanin p60	1,20
' ' ' ' ' '							(ATPase-	ł
							containing)	
	TAAACTGTGAG	3,21	0,47	2,56	1.01	Hs.289099	subunit	1,25
1709.				,		1.10.20000	Homo sapiens	1,20
		-					cDNA FLJ32643	.]
-	TGAAATACTGA	3,21	0,47	2,56	1.01	Hs.18585	fis, clone SY	1,25
1710.				,00	1,01	1.10.1000	Homo sapiens	1,20
							cDNA FLJ32163	
1	GTTAAATCCTG	3,21	0,47	2,62	1.03	Hs.8881	fis, clone PL	1,23
1711.		-,-,		_,02	1,00	0.0001	cDNA for	1,20
1	GACTCGCTCCA	3,21	0,47	2,62	1.03	Hs.69517	differentially	1,23
L	,	<u> </u>		_,02	1,00	1.10.00017	anioraniany	1,20

1712.									
1712 GACAGTCACTC 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.6066 Nypothetical protein FLI20644 Swisspro 1,23 FLI20644 Swisspro 1,23 GACTAAAAAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.49376 Swisspro 1,23 melanocordin receptor (alpha mela								expressed CO16	
GACAGTCACTC 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.6066 Nypothetical profein FLJ20644 TAAAGCCTTTA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.49376 Swisspro 1,23 Misspro 1,23	1712.							-V	
GACAGTCACTC 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.6066 (1,23 hypothetical protein FLJ20644									
TAAAGCCTTTA		CACACTCACTC	2.04	0.47	0.00	4.00	11- 0000	exchange factor	4 00
TAAAGCCTTTA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.49376 [Swisspro 1,23 ribosomal protein FLJ20644 [Swisspro 1,23 ribosomal protein S15a [Swisspro 1,23 ribosomal protein S15a [Swisspro 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 armylase, alpha 28; pancreatic Swisspro 1,23 ribosomal protein FLJ2064 [Swisspro 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 armylase, alpha 28; pancreatic Swisspro 1,23 ribosomal protein FLJ21016 [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein protein kinase PRP4 hom 1,23 hypothetical protein protein kinase PRP4 hom 1,23 hypothetical protein FLJ21016] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ2222] [Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ22222] [Swis	1713	GACAGICACIC	3,21	0,47	2,62	1,03	HS.6066	hypothetical	1,23
TAAAGCCTTTA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.49376 [Swissprot 1,23 ribosomal protein S15a garden State Sta	17 10.								
1714. GACTAAAAAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.3436615 Swissprot: sp P 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 melanocyt 1,23 1,23 1,23 melanocyt 1,23 1,									
GACTAAAAAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.343665 Swissprot: sp P 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha melanocottin 1 r		TAAAGCCTTTA	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.49376		1,23
GACTAAAAAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.343665 Swissprot: sp P 1,23 melanocortin 1 receptor (alpha) melanocyt 1,23 amylase, alpha 2B; pancreatic CTGAATCTAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.300280 Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016 GATTCTAGCCT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.289089 Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016 DKFZ9761K142 TAAATGTACAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.289089 Swisspro 1,23 hypothetical protein DKFZ9761K142 TAAATGTACAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.289089 Swisspro 1,23 transcobalamin I (vitamin B12 binding pr 1,23 transcobala	1714.								
1715. GGGCCAGGAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.301240 melanocortin 1 receptor (alpha melanocyt 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 2B; pencreatic 1,23 mylase, alpha 1,23 mylase, al		GACTAAAAAA	3 21	0.47	2 62	1 03	He 3/13665		1 23
GGGCCAGGAAA 3,21	1715.	OAOTA-VIAAA	0,21	0,47	2,02	1,00	118.545005		1,20
GGGCCAGGAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.301240 melanocyt 1,23 amylase, alpha 28; pancreatic									
CTGAATCTAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.300280 Swisspro 1,23 1717.		GGGCCAGGAAA	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.301240	melanocyt	1,23
CTGAATCTAAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.300280 Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016 Swisspro 1,23 hypothetical protein FLJ21016 protein FLJ21016 hypothetical protein FLJ21016 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein hypothetical hypothetica	1716.								
1717. GATTCTAGCCT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.289069 Swisspro 1,23 hypothetical protein DKFZp761K142 protein DKFZp761K142 1,23 moderate 1,23 mode		CTGAATCTAAA	2 21	0.47	2 62	1.02	⊔ ₂ 200200		4 22
GATTCTAGCCT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.289069 Swisspro 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein DKF2p761K142 hypothetical protein DKF2p761K142 1,23 hypothetical protein B12 hypothetical protein B12 hypothetical protein Rinase PRF4 hom 1,23 hypothetical protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Protein Rinase Rin	1717	CIGAAICIAAA	3,21	0,47	2,02	1,00	HS.300260		1,23
GATTCTAGCCT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.289069 FLJ21016 Swisspro 1,23 hypothetical protein DKFZp761K142 1,23 TTAAATGTACAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.236438 Swi 1,23 TTCAATAAAAG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.2012 binding pr 1,23 scrine/threonine-protein kinase TTTCTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.198891 PRP4 hom 1,23 TTTTTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.198891 PRP4 hom 1,23 TTTTTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 PRP4 hom 1,23 TTTTTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 PO Swissprot 1,23 TTTTTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 PO Swissprot 1,23 TTTTTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 Swissprot 1,23 TTTTTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 Swissprot 1,23 TTTTTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 Swissprot 1,23 TTTTTAATTGAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 Swissprot 1,23 TTTTTTAATTGAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 Swissprot 1,23 TTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT	' ' ' ' '								
TAAATGTACAA 3,21								FLJ21016	
TAAATGTACAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.236438 3 [Swi 1,23 transcobalamin I (vitamin B12 binding pr 1,23 serine/threonine-protein kinase protein protein kinase protein protein protein kinase kinase protein kinase kinase protein kinase kinase protein kinase kinase protein kinase kinase kinase kinase kinase kinase kinase protein kinase kin	1740	GATTCTAGCCT	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.289069		1,23
TAAATGTACAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.236438 3 [Swi 1,23 1719.] TTCAATAAAAG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.2012 binding pr 1,23 serine/threonine-protein kinase PRP4 hom 1,23 1721. ATGCGCAAGGC 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.198891 PRP4 hom 1,23 1722. TTTTAGTGTCA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 PISwissprot 1,23 ALEX3 protein [Swissprot: splC] Swissprot 1,23 hypothetical protein FLJ22282 [Swissprot: splC] TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.154396 [Swissprot: splC] 1,23 1725. TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 [Swissprot: splC] 1,23 1726. TATTTGCTACA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 [Swissprot: splC] 1,23 1726. GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.102548 binding fact 1,23 1727. GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: splC] 1,23 1727. ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: splC] 1,19 1728.	1718.								
TAAATGTACAA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.236438 3 Swi 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 1720. TTCAATAAAAG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.2012 Dinding pr 1,23 Serine/threonine-protein kinase PRP4 hom 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 Serine/threonine-protein kinase PRP4 hom 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 Serine/threonine-protein kinase PRP4 hom 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 Serine/threonine-protein kinase PRP4 hom 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding pr 1,23 Transcobalamin (vitamin B12 binding protein 1,23 Transcobalamin 1,23 Transcobalamin 1,23 Transcobalamin 1,23 Transcobalamin 1,23 Transcobalamin 1,23 Transcobalamin 1,23 Transcobalamin 1,23 Transcobalamin									
TTCAATAAAAG		TAAATGTACAA	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.236438		1.23
TTCAATAAAG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.2012 binding pr 1,23 serine/threonine-protein kinase TTCTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.198891 PRP4 hom 1,23 ribosomal protein, large, ATGCGCAAGGC 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 P0 Swissprot 1,23 1722. ALEX3 protein Swissprot 1,23 1723. 1724. 1725. 1726. 1726. 1727. 1728. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729. 1729.	1719.			,					.,,
1720.									
TTTCTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.198891 Protein kinase PRP4 hom 1,23 ribosomal protein, large, PO [Swissprot 1,23 ATGCGCAAGGC 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 PO [Swissprot 1,23 ALEX3 protein [Swissprot: Sp]Q9NPE4;sp] 1,23 hypothetical protein FLJ22282 TGTTCTCAAGT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.172788 Sp]Q9NPE4;sp] 1,23 hypothetical protein FLJ22282 [Swissprot: Sp]Q9NPE4;sp] 1,23 hypothetical protein FLJ22282 [Swissprot: Sp]Q 1,23 hypothetical protein FLJ22282 [Swissprot: Sp]Q 1,23 hypothetical protein FLJ22282 [Swissprot: Sp]Q 1,23 hypothetical protein fLJ22282 [Swissprot: Sp]Q 1,23 hypothetical protein fLJ22282 [Swissprot: Sp]Q 1,23 hypothetical protein flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the first flyage from the fir	4700	TTCAATAAAAG	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.2012		1,23
TTTCTAATTGA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.198891 PRP4 hom 1,23 ribosomal protein, large, PO [Swissprot 1,23 1722.	1720.						·]
1721.		TTTCTAATTGA	3.21	0.47	2.62	1.03	Hs.198891		1.23
ATGCGCAAGGC 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.194676 P0 [Swissprot 1,23 ALEX3 protein [Swissprot: sp]Q9NPE4;sp] 1,23 TTTTAGTGTCA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.172788 sp]Q9NPE4;sp] 1,23 hypothetical protein FLJ22282 [Swisspro 1,23 IT24.] TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.154396 [Swisspro 1,23 intestinal cell kinase Kinase ITCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 [Swissprot: sp]Q 1,23 IT25. TATTTGCTACA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 [Swissprot: sp]Q 1,23 IT26. GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: s 1,19 KIAA1460 protein [Swissprot: sp]Q9NV59; 1,19 IT28.	1721.		,	-,,	,,	.,			1,20
1722.									1
TTTTAGTGTCA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.172788 Sp Q9NPE4;sp 1,23 1723. hypothetical protein FLJ22282 TGTTCTCAAGT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.154396 Swisspro 1,23 1724. intestinal cell kinase TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 Swissprot: sp Q 1,23 1725. glucocorticoid receptor DNA binding fact 1,23 1726. BAI1-associated protein 2 GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 Swissprot: s 1,19 1727. KIAA1460 protein [Swissprot: s 1,19 1728. ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19 1728. Intestinal cell kinase Intestinal	4700	ATGCGCAAGGC	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.194676		1,23
TTTTAGTGTCA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.172788 sp Q9NPE4;sp 1,23 hypothetical protein FLJ22282 TGTTCTCAAGT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.154396 Swisspro 1,23 intestinal cell kinase TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 Swissprot: sp Q 1,23 1725.	1722.								ļ
1723.		TTTTAGTGTCA	3.21	0.47	2.62	1.03	Hs 172788		1 23
TGTTCTCAAGT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.154396 [Swisspro 1,23 intestinal cell kinase TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 [Swissprot: sp Q 1,23 glucocorticoid receptor DNA binding fact 1,23 TATTTGCTACA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.102548 binding fact 1,23 BAI1-associated protein 2 GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: s 1,19 K]AA1460 protein [Swissprot: s 1,19 ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19 1728.	1723.					.,,	110.1172700		1,20
TGTTCTCAAGT 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.154396 Swisspro 1,23								protein	
1724.		TOTTOTOMACT	0.04	0.47	0.00	4.00			
TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 [Swissprot: sp Q 1,23 1,725.	1724	IGITOTCAAGI	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.154396		1,23
TCAACCTTATG 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.108850 Swissprot: sp Q 1,23	1124.						,		
1725. TATTTGCTACA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.102548 binding fact 1,23 1726. GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: s 1,19 KIAA1460 protein 2 [Swissprot: s 4CTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19 1728.		TCAACCTTATG	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.108850		1,23
TATTTGCTACA 3,21 0,47 2,62 1,03 Hs.102548 binding fact 1,23 1726. GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: s 1,19] 1727. ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19] 1728.	1725.							glucocorticoid	
1726. BAI1-associated protein 2 GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: s 1,19 KIAA1460 protein [Swissprot: https://doi.org/10.1001/j.cm/li> ACTITITGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19 1728. protein		TATTE 0.074.04				4			
GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: s 1,19 KIAA1460 protein [Swissprot: ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 splQ9NV59; 1,19 protein	1726	TATTIGCTACA	3,21	0,47	2,62	1,03	Hs.102548		1,23
GAGCCTTGGGT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.7936 [Swissprot: s 1,19 1727.	1120.		-	- 1					
1727. KIAA1460 protein [Swissprot: ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19 protein		GAGCCTTGGGT	3,21	0,47	2,69	1.06	Hs.7936		1.19
ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19 1728. protein	1727.							KIAA1460	.,
ACTTTTTGGCT 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.6968 sp Q9NV59; 1,19 1728.									
1728. protein		ACTITITOCOT	2 04	0.47	2 60	4.00	LI- 6000	[Swissprot:	امدير
	1728	ACTITIOGGI	3,21	U,4 <i>1</i>	2,09	1,06	⊓5.0968	spicianvos;	1,19
1,10	1720.	GCCGCTGCCAG	3.21	0.47	2,69	1.06	Hs.6162		1.19
			,,			.,		11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11 11	

1729 GAAATAAAAAG 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.42712 spl/25912; 1,19								regulatory (inhib	
GAAATAAAAAG 3,21	1729								
GAATAAAAAG 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.42712 SelPZ6912.] 1,19	1,20.			ļ					
1730. GTTCTGTGCAG 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.244352 alph 1,19 NY-REN-25 antigen [Swissprot: sp]C60736 1,19 basic transcription element binding prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding Prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding Prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding Prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding Prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding Prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding Element binding Prot 1,19 (RAA0657 protein Element binding Element binding Element binding Protein Element binding Element binding Protein Element binding Element binding Protein Element binding Element binding Element binding Protein Element binding Element binding Element binding Element binding Protein Element binding Element binding Element binding Element binding Protein Element binding Ele		GAAATAAAAAG	3,21	0,47	2,69	1,06	Hs.42712		1,19
CTTCTGTGCAG 3,21	1730.								
GTTCTGTGCAG 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.244352 alph 1,19				j				Moderately	
1731. AGGCCAGTATA 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.15301 Swissprot: sp C60736 1,19 Land			1		,			similar to laminin	
AGGCCAGTATA 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.15301 splC60736 1,19 basic transcription element binding protein Element El		GTTCTGTGCAG	3,21	0,47	2,69	1,06	Hs.244352	alph	1,19
AGGCCAGTATA 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.15301 Swissprot: splCo60736 1,19 basic transcription element binding prot (Fig. 1) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription element binding prot (Fig. 2) basic transcription (Fig. 2) basic t	1731.								
AGGCCAGTATA 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.15301 splO60736 1,19 basic transcription element binding protein [Swissprot spl P] 1,19 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,19 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISwissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISWissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISWissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISWissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISWissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISWissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISWissprot spl P] 1,16 (IAA0657 protein ISWISSPROT spl P] 1,16 (IAA0657		.]							
1732.						4.00	45004		4.40
CTTCTCTTGAG 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.150557 KlAAQ657 protein Swissprot: sp C75147: 1,16 Mppothetical protein FL.14547 Swissprot 1,16 Mppothetical protein FL.14547 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical protein FL.120312 Swissprot 1,13 Mppothetical Mppothe		AGGCCAGTATA	3,21	0,47	2,69	1,06	Hs.15301		1,19
CTTCTCTGAG 3,21	1732.		1	1					
CTTCTCTTGAG 3,21 0,47 2,69 1,06 Hs.150557 prot 1,19 KIAA0657 protein Foreign Forei		,					:		
1733. CAAATAAATGT 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.6654 GAATAAAACAT 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.34074 GIPOTION See VI SWissprot: spl 1,16 Mitogenactivated protein GAGCACTGTTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.250870 Mitogenactivated protein FLJ14547 SWissprot 1,13 Hs.7646 Mitogenactivated protein FLJ14547 SWissprot 1,13 Hs.7646 Mitogenactivated protein FLJ14547 SWissprot 1,13 Hs.7862 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7862 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7862 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7862 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7862 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7864 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7864 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7864 Mitogenactivated protein FLJ20312 SWissprot 1,13 Hs.7864 Mitogenactivated protein Homo saplens MRNA; cDNA DKFZp761M022 1,13 Hs.7864 Mitogenactivated protein Hs.7864 Mitogenactivated pro		CTTCTCTTCAC	2 24	0.47	2.60	1.06	Un 150557		1 10
CAAATAAATGT 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.6654 splO75147; 1,16 dipeptidylpeptida se VI SWissprot: splO75147; 1,16 dipeptidylpeptida se VI SWissprot: splO75147; 1,16 miltogenactivated protein kinase kinase in the protein FLJ14547 splotted protein FLJ14547 splotted protein FLJ14547 splotted protein FLJ14547 splotted protein FLJ20312 splo	4722	CITCICITGAG	3,21	0,47	2,09	1,06	пs. 150557		1,19
CAAATAAATGT 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.6654 Spi(75147; s	1733.								
CAAATAAATGT		'							
1734. GAATAAAACAT 3,21		CAAATAAATGT	3 21	0.47	2.76	1.08	Hs 6654		1 16
GAATAAAACAT 3,21	1734	CAAATAAATOT	0,21	0,77	2,10	1,00	113.0007		1,10
GAATAAAACAT 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.34074 [Swissprot: spiP 1,16 miltogen-activated protein activated protein protein hypothetical protein FLJ14547 [Swissprot 1,13 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein FLJ20312 hypothetical protein humo saplens mRNA; cDNA DKFZp761M022 humo saplens humo saplens humo saplens hypothetical protein humo saplens hu	1754.								
TGTGGCCCACC 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.250870 Kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ14547 Kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ14547 Kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ14547 Kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ14547 Kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ14547 Kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ20312 Kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ20312 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein FLJ20312 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RNA; cDNA DKFZ761M022 1,13 hypothetical protein RC002926 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RC002926 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RC002926 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RC002926 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RC002926 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RC002926 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RC002926 Kinase kinase 1,18 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein RC002926 hypothetical protein Human hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein Human hypothetical protein hypothetical		GAATAAAACAT	3.21	0.47	2.76	1.08	Hs.34074		1.16
TGTGGCCCACC 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.250870 kinase kinase lactivated protein kinase kinase lactivated protein kinase kinase lactivated protein hypothetical protein FLJ14547 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein mRNA; cDNA DKFZp761M022 1,13 hypothetical protein BC002926 [Swisspro 1,13 hypothetic	1735.			1		.,,,,			
TGTGGCCCACC 3,21 0,47 2,76 1,08 Hs.250870 kinase kinase 1,16 hypothetical protein FLJ14547 [Swisspro 1,13 1737.] GAGCACTGTTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.99821 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein RNA; cDNA DKF2767IM022 TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 [Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 [Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 [ERG3 delta-5-desaturase (·					
1736. GAGCACTGTTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.99821 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ14547] 1737. ATATGAAGCAT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.7662 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312] 1738. TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC00226] TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926] TAATTAATCCAG 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 desat 1,13 zinc finger protein 7 (KOX 4, clone HF.1 1,13 lysosomal apyrase-like 1 TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 l743. TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 l744.]		TGTGGCCCACC	3,21	0,47	2,76	1,08	Hs.250870		1,16
GAGCACTGTTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.99821 FLJ14547 Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 Swisspro 1,13 Hs.7862 Swisspro 1,13 Hs.7862 Swisspro 1,13 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761M022 TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein Swisspro 1,13 hypothetical protein BC002926 Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJC05 desaturase (ERG3 delta-5-desaturase (ERG	1736.		"					hypothetical	
GAGCACTGTTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.99821 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein FLJ20312 [Swisspro 1,13 hypothetical protein hypothetical protei		,						protein	
1737. ATATGAAGCAT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.7862 [Swisspro 1,13 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761M022 TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 Hypothetical protein BC002926 (ERG3 delta-5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase) (ERG3 delta-5								1	
ATATGAAGCAT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.7862 [Swisspro 1,13 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761M022 TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761M022 TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 Hypothetical protein BC002926 Harmonic Grant Gra		GAGCACTGTTT	3,21	0,47	2,83	1,11	Hs.99821		1,13
ATATGAAGCAT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.7862 [Swisspro 1,13 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761M022 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 [Swisspro 1,13 Hs.298553 [Swisspro 1,13	1737.								
ATATGAAGCAT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.7862 [Swisspro 1,13 Homo sapiens mRNA; cDNA DKFZp761M022 TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 sterol-C5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase) (E	-								
1738. TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 sterol-C5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase) ATTTAATCCAG 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.288031 desat 1,13 zinc finger protein 7 (KOX 4, clone HF.1 1,13 lysosomal apyrase-like 1 TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: sp 1,13 KIAA0256 gene			امما			٠			
TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 sterol-C5-desaturase (ERG3 delta-5-ATTTAATCCAG 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.288031 desat 1,13 2inc finger protein 7 (KOX GGATAGACCAC 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.2076 4, clone HF.1 1,13 1742. TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein Swissprot: sp 1,13 T744.	1700	ATATGAAGCAT	3,21	0,47	2,83	1,11	Hs./862		1,13
TCAAGAAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 sterol-C5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase) (ERG3 delta-5-de	1738.								
TCAAGAAAAA 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.77646 3 (f 1,13 hypothetical protein BC002926 TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 1740. ATTTAATCCAG 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.288031 desat 1,13 zinc finger protein 7 (KOX 4, clone HF.1 1,13 1742. GGATAGACCAC 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.2076 4, clone HF.1 1,13 1743. TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: sp 1,13 1744.]									
1739.		TCAAGAAAAA	3 21	0.47	2 83	1 1 1 1	He 77646		1 12
TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 sterol-C5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase) (ERG3 delta-5-desa	1730	ICAAGAAAAA	0,21	0,41	2,00	1,11	1 18.7 7 040		1,10
TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 sterol-C5-desaturase (ERG3 delta-5-ATTTAATCCAG 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.288031 desat 1,13 zinc finger protein 7 (KOX GGATAGACCAC 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.2076 4, clone HF.1 1,13 1742. TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.18166 sp 094947; 1,13 1744.	1739.				,				
TAATAAATGTT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.298553 [Swisspro 1,13 steroi-C5-desaturase (ERG3 delta-5-desaturase) (ERG3 delta-5-desa						ŀ			
1740. Sterol-C5- desaturase (ERG3 delta-5- desaturase (ERG3 delta-5- desaturase (ERG3 delta-5- desaturase (ERG3 delta-5- desaturase (ERG3 delta-5- desaturase (ERG3 delta-5- desaturase (ERG3 delta-5- desaturase desaturase (ERG3 delta-5- desaturase desa		TAATAAATGTT	3.21	0.47	2.83	1.11	Hs.298553		1.13
ATTTAATCCAG 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.288031 desat 1,13	1740.		-,-:						.,
ATTTAATCCAG 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.288031 desat 1,13 1741. GGATAGACCAC 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.2076 4, clone HF.1 1,13 1742. TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 1743. TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.18166 sp O94947; 1,13 1744. KIAA0256 gene									
1741. zinc finger protein 7 (KOX 4, clone HF.1 1,13 1742. lysosomal apyrase-like 1 TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein Swissprot: sp TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.18166 sp O94947; 1,13 KIAA0256 gene 1,13 1,13 KIAA0256 gene 1,13]			
1741. zinc finger protein 7 (KOX 4, clone HF.1 1,13 lysosomal apyrase-like 1 TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein Swissprot: sp TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.18166 sp O94947; 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 gene 1,13 1,13 KIAA0256 gene 1,13 KIAA0256 ge		ATTTAATCCAG	3,21	0,47	2,83	1,11	Hs.288031		1,13
GGATAGACCAC 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.2076 4, clone HF.1 1,13 1742.	1741.								
1742.									
TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Swissprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: the color of the c			. 3,21	0,47	2,83	1,11	Hs.2076		1,13
TCACTTGCTGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.201377 [Świssprot: sp 1,13 KIAA0870 protein [Swissprot: TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.18166 sp 094947; 1,13 KIAA0256 gene	1742.				· ·	-	† ·		
1743. KIAA0870 protein [Swissprot: 1,13 KIAA0256 gene							l.,		
	1		3,21	0,47	2,83	1,11	Hs.201377		1,13
TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.18166 sp O94947; 1,13	1743.	·							
TAACCTCAGGT 3,21 0,47 2,83 1,11 Hs.18166 sp O94947; 1,13							1		
1744. KIAA0256 gene		TAACOTCACCT	0.01		0.00		11- 40400		1 44
	4744		3,21	0,47	2,83	7,11	HS.18166		1,13
[]AAGGATTITO 3,21 0,41 2,03 1,11 \(\pi \).1109/0 \(\pi \)1000000 1,13	1744.		2 24	0.47	2 82	1 11	Ho 119079	_	1 10
	Ш.	IMOGGAIIIIC	ا ع,د ا	U,41		1,11	1119/19	Product	1,13

							[Swissprot:	
							sp Q9	
1745.							DKFZP564K206	
			·		,		2 protein	
	COATOCOTOTO	0.04	0.47	0.04			[Swissprot:	4 40
1746.	GGATGGGTGTG	3,21	0,47	2,91	1,14	Hs.70877	sp Q9	1,10
1740.							KIAA1039	
							protein [Swissprot:	
	TGACGACGACT	3,21	0,47	2,91	1 14	He 301552	splQ9UPW2;	1,10
1747.		<u> </u>	0,17	2,01	1,17	113.001002	RAD9 homolog	1,10
							(S. pombe)	
	GCGAGAATCCA	3,21	0,47	2,91	1,14	Hs.240457	[Swissprot: sp	1,10
1748.					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		C3HC4-like zinc	, ,
1						:	finger protein	
	AACTCTAAGGA	3,21	0,47	2,91	1,14	Hs.238797		1,10
1749.							LIM domain only	
	Í						2 (rhombotin-like	
4750	GAGACGCATTT	3,21	0,47	2,91	1,14	Hs.184585	/	1,10
1750.							hypothetical	
							protein	
	TAGAAGGTGGA	2 24	0.47	2.04	4 4 4	11- 40207	FLJ23221	4.40
1751.	TAGAAGGTGGA	3,21	0,47	2,91	1,14	Hs.18397	[Swisspro	1,10
1751.							forkhead box P1 Swissprot:	
	CTTAGTCTAAA	3,21	0,47	2,91	1 11	Hs.108327	sp Q9BSG9;s	1,10
1752.	011/101/01/01/	0,21	0,47	2,31	1,17	118.100321	KIAA1688	1,10
17.52.							protein	
							Swissprot:	
	GACCCTGAAAA	3,21	0,47	2,91	1.14	Hs.105685	splQ9C0H5;	1,10
1753.							ESTs	.,,,,
		,					[Swissprot:	
	GAAAAGGACAG	3,21	0,47	2,99	1,17	Hs.297939		1,07
1754.							macrophage	
						:_	erythroblast	
4755	TTGATGTTGAC	3,21	0,47	2,99	1,17	Hs.20815	attacher [Swiss	1,07
1755.							v-yes-1	
						-	Yamaguchi	
	ATGTGTTTCAC	3,21	0,47	3,08	1 20	Hs.80887	sarcoma viral related	4.04
1756.	MOTOTITIOAO	0,21	0,47	3,00	1,20	115.0000 <i>1</i>	chromosome 20	1,04
							open reading	
	GCGGCCATCCC	3,21	0,47	3,08	1.20	Hs.79625	frame 149 [S	1,04
1757.				-,		7.0.1.5020	pinin,	1,07
							desmosome	-
							associated	
	TTGTAAAAAAT	3,21	0,47	3,08	1,20	Hs.44499	protein [Sw	1,04
1758.			7				glycosyltransfera	
				_			se AD-017	
4770	GAAAAAGATGT	3,21	0,47	3,08	1,20	Hs.283737	[Swissprot:	1,04
1759.							hypothetical	İ
							protein	
	GAGCAGGAGTG	2 24	047	3 00	4.00	11- 47404	BC013073	,
1760.	CAGCAGGAGIG	3,21	0,47	3,08	1,20	Hs.17481	[Swisspro	1,04
1,00.							hypothetical protein	
							FLJ14566	
	TACTGTTTGAT	3,21	0,47	3,08	1 20	Hs.12313	[Swisspro	1,04
			-,				Taxinah.	1,07

GAAATGGTGGG 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.9614 NU 1,0** 1762. AACCCGTGTTT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.326563 7, subfamily 1,0** 1763. TITTTACTCAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.23476 protein [S 1,0**] 1764. GGCTTAGGATG 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.23476 protein [S 1,0**] 1765. AAACTAGTTGC 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.16533 Hs.16533 Regulatory (inhib 1,0**] 1766. TAGTCTGGAGT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 Ms.16534 Regulatory (inhib 1,0**] 1767. CTACTGAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.15248 Ms.16548							,	,	
GAAATGGTGGG 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.9614 Offactory receptor, family 1,01 offactory receptor, fa	1761.							ESTs,	
GAAATGGTGGG									
GAATGGTGGG 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.9614 NU 1,01 762. AACCCGTGTTT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.32663 7, subfamily 1,01 763. TTTTTACTCAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.23476									
1762.		GAAATGGTGGG	3 21	0.47	3 18	1 23	He 9614		1 01
AACCCGTGTTT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.326563 7, subfamily 1,0' Cip1-interacting zinc finger protein [S 1,0' Cip1-interacting zinc finger zinc finger protein [S 1,0' Cip1-interacting zinc finger z	1762.	6,444,66,666	0,21	0,77	0,10	1,20	113.5014		1,01
AACCCGTGTTT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.32563 7, subfamily 1,07									
TTTTTACTCAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.23476 protein S 1,01		AACCCGTGTTT	3,21	0,47	3,18	1,23	Hs.326563		1,01
TTITTACTCAA 3,21	1763.							Cip1-interacting	
1764.							İ		
GGCTTAGGATG 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.233955 Swisspro 1,01	1-01	TTTTACTCAA	3,21	0,47	3,18	1,23	Hs.23476		1,01
GGCTTAGGATG 3,21	1764.	,							
GGCTTAGGATG 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.233955 Swisspro protein phosphatase 1, regulatory (inhib phosphatase 1, regulatory									
1765. AAACTAGTTGC 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.16533 regulatory (inhiib 1,01 1,	1	GGCTTAGGATG	3 21	0.47	3 18	1 23	He 233055		1.01
AAACTAGTTGC 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.16533 phosphatase 1, regulatory (inhib 1,01) TAGTCTGGAGT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 (phosphatida 1,01) TAGTCTGGAGT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 (phosphatida 1,01) TAGTCTGGAGT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 (phosphatida 1,01) TAGTCTGGAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.15248 none] 1,01 TGTATTTTCCT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.102929 Nck, 90 KDa 1,01 TGTATTTTCCT 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.330211 (phosphatida 1,01) TAGCAATTGCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.330211 (phosphatida 1,01) TAGCAATTGCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.28995 (phosphatidylinos itol glycan, class 1,01) TAGCAATATA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C Is G protein pathway suppressor 2 Swisspro 1,045 TAGCAACTATT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C Is Swisspro 1,055 TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7590 C Is Swisspro 1,055 TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7590 C Is Swisspro 1,055 TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7590 C Is Swisspro 1,055 TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7590 C Is Swisspro 1,055 TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.54642 ase II, beta 1,055 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.54642 ase II, beta 1,055 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspro 0,955 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95) TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95)	1765.	COOTINGCATO	0,21	0,47	5,10	1,20	118.200900		1,01
AAACTAGTTGC 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.16533 regulatory (inhib 1,01									
TAGTCTGGAGT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 (phosphatida 1,01 1767. CTACTGAAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 (phosphatida 1,01 1768. TGTATTTTCCT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.102929 (phosphatida 1,01 1769. TAGCAATTGCA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.102929 (phosphatida 1,01 1769. TAGCAATTGCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.330211 (phosphatida 1,01 1769. CTGTTTGTTCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.28965 (clone H 0,98 1770. CAGAGAATATA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.28965 (clone H 0,98 1771. CAGAGAATATA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 (phosphatidylinos itol glycan, class (clone) (phosphatidylinos (phosphatidylinos (phosphatidylinos (phosphatidylinos (phosphatidylinos (phosphatidylin		AAACTAGTTGC	3,21	0,47	3,18	1,23	Hs.16533		1,01
TAGTCTGGAGT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 (phosphatida 1,01 1767. CTACTGAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.15248 (phosphatida 1,01 1768. CTACTGAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.15248 SH3 protein interacting with interacting inter	1766.	-							<u></u> -
TAGTCTGGAGT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.152981 (phosphatida 1,01 ESTs [Swissprot: none] 1,01 SH3 protein interacting with int									
1767. CTACTGAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.15248 none 1,01									
CTACTGAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.15248 Swissprot: none 1,01	4707	TAGTCTGGAGT	3,21	0,47	3,18	1,23	Hs.152981		1,01
CTACTGAAAAA 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.15248 none 1,01	1767.			i					
TGTATTTCCT		CTACTGAAAAA	3 21	0.47	3 10	1 22	Un 15249		4.04
TGTATTTCCT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.102929 Mck, 90 kDa 1,01 1769. TAGCAATTGCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.330211 none] 0,98 1770. CTGTTTGTTCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.288965 clone H 0,98 CAGAGAATATA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.21739 [Swisspro phosphatidylinos itol glycan, class C C [S C C C C C C C C C C C C C C C C	1768	CIACIOAAAA	3,21	0,47	3,10	1,23	П8.15246		1,01
TGTATTTCCT 3,21 0,47 3,18 1,23 Hs.102929 Nck, 90 kDa 1,01	.,								
TAGCAATTGCA 3,21		TGTATTTTCCT	3,21	0,47	3,18	1,23	Hs.102929		1.01
TAGCAATTGCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.330211 none] 0,98 1770. CTGTTTGTTCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.288965 clone H 0,98 CTGTTTGTTCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.288965 clone H 0,98 Karyopherin (importin) beta 2 Swisspr 0,98 CTGTAACATAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C S 0,95 CTGTAACATAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7301 Swisspr 0,95 AAGCTGCTTTT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7301 Swisspr 0,95 TTTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.54642 Swisspr 0,95 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 CTGTAACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95	1769.								.,
1770. Homo sapiens cDNA: FLJ22300 fis, clone H								[Swissprot:	
CTGTTTGTTCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.288965 clone H 0,98 karyopherin (importin) beta 2		TAGCAATTGCA	3,21	0,47	3,28	1,26	Hs.330211		0,98
CTGTTTGTTCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.288965 clone H 0,98 karyopherin (importin) beta 2 [Swisspro 0,98 phosphatidylinos itol glycan, class CTGTAACATAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C [S 0,95 0,95 0,95 0,95 0,95 0,95 0,95 0,95	1770.								
CTGTTTGTTCA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.288965 clone H 0,98 karyopherin (importin) beta 2 [Swisspro 0,98 close H 0,98 karyopherin (importin) beta 2 [Swisspro 0,98 close H 0,98 close A					i				
1771. CAGAGAATATA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.21739 [Swisspro 0,98] 1772. CTGTAACATAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C [S 0,95] 1773. AAGCTGCTTTT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7301 [Swisspr 0,95] 1774. TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.54642 ase II, beta 0,95] 1775. TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspr 0,95] 1776. GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspr 0,95] 1777. GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 [G pr 0,95] 1777.		CTGTTTGTTCA	3 21	0.47	3 28	1 26	Uc 200065		0.00
CAGAGAATATA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.21739 [Swisspro 0,98 phosphatidylinos itol glycan, class CTGTAACATAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C [S 0,95 1773.	1771.	OTOTTON	3,21	0,41	3,20	1,20	115.200905		0,96
CAGAGAATATA 3,21 0,47 3,28 1,26 Hs.21739 Swisspro 0,98			,						
1772. CTGTAACATAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C [S 0,95 1773. AAGCTGCTTTT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7301 Swisspr 0,95 1774. TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.54642 se II, beta 0,95 1775. TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspr 0,95 1776. GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 G pr 0,95 1777.		CAGAGAATATA	3,21	0,47	3,28	1,26	Hs.21739		0,98
CTGTAACATAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.75790 C S 0,95	1772.								
1773. G protein pathway suppressor 2 1774. methionine adenosyltransfer ase II, beta 0,95 1775. hypothetical protein FLJ13213 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspro 0,95 1776. GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 1777. GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 1777.				·				itol glycan, class	
AAGCTGCTTTT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7301 [Swisspr 0,95 methionine adenosyltransfer ase II, beta 0,95 hypothetical protein FLJ13213 [Swisspr 0,95 microscopic of the control	4770	CIGTAACATAT	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.75790		0,95
AAGCTGCTTTT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7301 suppressor 2 [Swisspr 0,95 methionine adenosyltransfer ase II, beta 0,95 hypothetical protein FLJ13213 [Swisspr 0,95 mucharacterized] TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspro 0,95 mucharacterized]	1773.								
AAGCTGCTTTT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.7301 Swisspr 0,95									
1774. methionine adenosyltransfer ase II, beta 0,95 1775. hypothetical protein FLJ13213 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 Swisspro 0,95 1776. guanine nucleotide binding protein GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 G pr 0,95 1777. uncharacterized		AAGCTGCTTTT	3 21	0.47	3 38	1 29	He 7301		0.05
TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.54642 ase II, beta 0,95 hypothetical protein FLJ13213 [Swisspro 0,95 1776.] TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspro 0,95 guanine nucleotide binding protein GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 [G pr 0,95 uncharacterized]	1774.	74.001001111	0,21	- 0,41	0,00	1,20	113.7001		0,90
TGATACATACA 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.54642 ase II, beta 0,95 hypothetical protein FLJ13213 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspro 0,95 guanine nucleotide binding protein GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 uncharacterized									
1775. hypothetical protein FLJ13213 TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspro 0,95 guanine nucleotide binding protein GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 uncharacterized		TGATACATACA	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.54642		0,95
TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspro 0,95 guanine nucleotide binding protein GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 uncharacterized	1775.							hypothetical	
TTCCCAACTAT 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.331328 [Swisspro 0,95 guanine nucleotide binding protein GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 uncharacterized									
1776. GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 uncharacterized		TTCCCAACTAT			امما	4			
GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 uncharacterized	1776	TOCCAACTAT	3,21	U,4 <i>1</i>	3,38	1,29	MS.331328		0,95
GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 uncharacterized	1776.	•							
GACAATGTATG 3,21 0,47 3,38 1,29 Hs.289026 (G pr 0,95 1777. uncharacterized					,				
1777. uncharacterized		GACAATGTATG	3.21	0.47	3.38	1.29	Hs.289026		0.95
	1777.		- , - .		2,00	.,20	. 10.20020		0,90
		ATCCTACTGTT	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.239218		0.95
									-,00

							protein HCD	
1778.						,	ESTs	
		.					[Swissprot:	
	AGACTAAGGTT	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.22635	none]	0,95
1779.							CGI-58 protein	
							[Swissprot:	
4700	TGGTAACTGGC	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.19385	sp Q8WTS1;sp	0,95
1780.			•	1			ESTs [Swissprot:	
	GAGGCAGGCAA	3,21	0,47	3,38	1 29	Hs.164595		0,95
1781.	0,1000,1000,11	0,21	-,	0,00	1,20	110.101000	KIAA1536	0,00
1	•						protein	
							[Swissprot:	
	GAAAGAAATAA	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.156667	sp Q96JU3;	0,95
1782.							unc-13-like (C.	
	AAACAACAAAC	3,21	0,47	2 20	4 20	Un 155001	elegans)	0.05
1783.	AAACAAGAAAC	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.155001	[Swissprot: sp galactokinase 2	0,95
1700.			l				Swissprot:	
	GATTGGACTTG	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.129228	sp Q01415;s	0,95
1784.							O-linked N-	
							acetylglucosami	
4705	TGAAGTGTATA	3,21	0,47	3,38	1,29	Hs.100293	ne (GlcNAc) tr	0,95
1785.	•						NADH	
j							dehydrogenase (ubiquinone) 1,	
	AGCCCAGGAGT	-3,11	0,77	-1,10	0.00	Hs.337550		2,83
1786.							EST, Moderately	
							similar to	
	0704040000			4.0=			ALU1_HUMAN	
1787.	GTGAGACCCCG	-3,11	0,77	-1,35	0,01	Hs.210717		2,30
1707.			-				eukaryotic translation	
	CCCTGATTTTA	-3,32	1,18	-2,30	0.75	Hs.183684	initiation factor	1,44
1788.					,		[Swissprot:	.,,
	ACTGCAGAGCG	-3,73	0,6	-1,32	0,00	Hs.12186	none]	2,83
1789.		ļ		,			aldehyde	
	400000000						dehydrogenase	
	AGGGGCCGGG	-3,73	0,6	-1,70	0.01	Hs.77448	4 family, member	2 10
1790.		-3,73	0,0	-1,70	0,01	115.77440	sterile alpha	2,19
							motif and	
	ATGGCACCACT	-3,73	0,6	-1,74	0,02	Hs.115175		2,14
1791.							protein kinase	
l	0070007444	0.70		4 - 4			H11 [Swissprot:	
1792.	CCTGGCCTAAA	-3,73	0,6	-1,74	0,02	Hs.111676		2,14
1792.							ras homolog gene family,	
							member G (rho	
	CTTCTGGGGAC	-3,73	0,6	-1,83	0,05	Hs.75082	G	2,04
1793.							HT014	
							[Swissprot:	
	CCTTTTATTCA	2.70			0.00	11-04040	sp Q9GZP4;sp	
1794.	GCTTTTATTCA	-3,73	0,6	-1,95	0,08	Hs.31819	Q9NRI8;] PRP8 pre-	1,91
17 34.							mRNA	
							processing	
	AAATATGAGCT	-3,73	0,6	-2,02	<u>0,</u> 10	Hs.348423		1,85

1795.		T		T		<u> </u>	hypothetical	
1700.			1	į			protein	
							PRO2730	
1796.	CGCCTATAATC	-3,73	0,6	-2,12	0,13	Hs.194110	[Swissprot thiopurine S-	1,76
1796.							methyltransferas	
	ATCTCAGCTCA	-3,73	0,6	-2,16	0,14	Hs.296922	e [Swisspr	1,73
1797.			-				glucose	
							phosphate	
	ATCCGCCTGCT	-3,73	0,6	-2,16	0 14	Hs.16131	isomerase [Swissprot:	1,73
1798.	7.1000001001	- 0,10	0,0	2,10	0,17	110.10101	profilin 1	1,70
							[Swissprot:	,
1799.	TGGTTTTGGCA	-3,73	0,6	-2,33	0,19	Hs.75721	sp[P07737;]	1,60
1799.			'				eukaryotic translation	r
	GTGTCGGCTGT	-3,73	0,6	-2,33	0,19	Hs.275959	elongation factor	1,60
1800.							bromodomain	
	TOATOTTOOAG	0.70	0.0	0.05	0.00	077404	adjacent to zinc	4 = 0
1801.	TGATGTTCCAC	-3,73	0,6	-2,35	0,20	HS.2//401	finger doma nuclear receptor	1,59
1001.			-				subfamily 1,	
	GCTCTCCCCCC	-3,73	0,6	-2,39	0,21	Hs.100221	group H, m	1,56
1802.							ATP-dependent	
	TTGTCCAGGCT	-3,73	0,6	-2,40	0.21	Hs.99423	RNA helicase [Swissprot:	1,55
1803.	11010000001	-3,73	0,0	-2,40	0,21	115.55425	CGI-86 protein	1,00
							[Swissprot:	
1001	AATCTTGCAAA	-3,73	0,6	-2,50	0,24	Hs.109201	sp Q9UKU2;sp	1,49
1804.		,					golgi apparatus protein 1	
	GТGТССТССТС	-3,73	0,6	-2,61	0,28	Hs.78979	[Swissprot: s	1,43
1805.							hypothetical	
	,						protein	
	GTAGCAGGTGC	-3,73	0,6	-2,73	0.31	Hs.313760	DKFZp434G171	1,37
1806.	01/100/100100	0,10	- 0,0	2,10	0,01	113.010700	ESTs, Weakly	1,01
							similar to	
	COTOCOACCO	0.70		0.00	0.04		JC5238	
1807.	GCTGGGAGGGG	-3,73	0,6	-2,82	0,34	Hs.20733	galactosy microtubule-	1,32
1007.							associated	
	ATTCTGTTGTA	-3,73	0,6	-2,92	0,37	Hs.150580	protein 4 [Swiss	1,28
1808.							small acidic	
					*		protein [Swissprot:	
	AGAGCAAGTAC	-3,73	0,6	-2,98	0.39	Hs.78050	sp O00	1,25
1809.			-		, -		tropomyosin 4	.,
	TOTOTACTAAA	2 70	4 00	0.05	0.00	LL- 0500 i :	[Swissprot:	
1810.	TCTCTACTAAA	-3,73	1,03	-3,05	0,93	Hs.250641	sp P07226;] cell division	1,22
1010.							cycle 42 (GTP	
	CACTCGTGTGA	-3,73	0,6	-3,05	0,42	Hs.146409	binding prot	1,22
1811.		Ţ					hypothetical	
							protein MGC4549	
	TTCAGTTGCTT	-3,73	0,6	-3,07	0.42	Hs.326422	[Swissprot	1,21
1812.		-3,73	0,6		0,44	Hs.3688		1,19
1812.				-3,13			cisplatin	

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

134

	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·					T		T
							resistance-	
							associated	1
							overexpr	
1813.		•					hypothetical	
	1						protein	
							FLJ22056	
	TCCAGCCCCTG	-3,73	0,6	-3,19	0,46	Hs.24956	[Swisspro	1,17
1814.							defender against	
							cell death 1	
4045	CCACTCCTCCA	-3,73	0,6	-3,32	0,50	Hs.82890	[Swisspro	1,12
1815.							collagen, type	
							VI, alpha 3	
4040	ACTTTAGATGG	-3,73	0,6	-3,38	0,52	Hs.80988	[Swissprot:	1,10
1816.							SMT3	
							suppressor of	
							mif two 3	
4045	CTCATTCAGCT	-3,73	0,6	-3,40	0,53	Hs.180139	homolog 2 (1,10
1817.							chromosome 20	
							open reading	
	CTGCCTCCTTA	-3,73	0,6	-3,66	0,62	Hs.179666		1,02
1818.				.			cytoskeleton-	
	1		اییا			l	associated	
1045	AAGAGGTTTGC	-3,73	0,6	-3,76	0,65	Hs.74368	protein 4 [Swis	0,99
1819.							FK506 binding	
							protein 2 (13kD)	
1000	CACTACACGGG	-3,73	0,6	-4,50	0,91	Hs.227729		0,83
1820.						_	eukaryotic	
							translation	
	AAGCTGGAGGA	-3,73	0,6	-4,69	0,98	Hs.55682	initiation factor	0,80
1821.							ESTs, Weakly	
						r	similar to	
	ACTGGCTGCTG	-3,73	0,6	-5,00	1,09	Hs.3709	A42442 integrin	0,75
822.							H1 histone	
	TOTOTOT					,	family, member	
1000	TGTGTGTTTGT	-3,73	0,6	-5,00	1,09	Hs.226117		0,75
1823.							NADH .	
							dehydrogenase	
	00000000000						(ubiquinone) Fe-	
1004	GGGAGCTGCGC	-3,73	0,6	-5,09	1,12	Hs.211914		0,73
1824.							ESTs, Weakly	
	1	إر					similar to	
4005	AGCCCCTGTGC	-4	0,75	-0,46	0,00	Hs.213257	2109260A B cell	8,70
1825.	ACTOTO 0700	_					EST [Swissprot:	
4000	ACTGTGGTCCC	-4	0,75	-0,53	0,00	Hs.323636		7,55
1826.			- 1				ATPase, Class	-
							VI, type 11B	
400=	ACATCGTTGTA	-4	0,75	-0,61	0,00	Hs.75478	[Swissprot:	6,56
1827.							ribosomal	
							protein S18	
					49	, , ,	[Swissprot:	
	AGCATATCTTC	-4	0,75	-0,61	0,00	Hs.275865	sp P2	6,56
828.							KIAA0625	
							protein	
				İ			[Swissprot:	
	AGCCTGTGGTC	-4	0,75	-0,61	0,00	Hs.154919	sp O75120;	6,56
1829.							[Swissprot:	
	AAAATCACTTG	-4	0,75	-0,65	0,00	Hs.220261	none]	6,15
1830.	AGGACTGGACT	-4	0,75	-0,69			Homo sapiens	5,80
	1		0.101	-0.03	17 1717	□ 13.∠00334	I IOITIO SADIETIS	อ.ซบ

135

							cDNA FLJ13771	
							fis, clone PL	
1831.		!					KIAA0809	
				ļ			protein	
							[Swissprot:	
	AGGTTGCCGAG	-4	0,75	-0,76	0.00	Hs.105399		5,26
1832.			- 0,. 0	0,10	- 0,00	110:10000	cytochrome c	0,20
1002.	,					-	[Swissprot:	
	ACTITITATG	-4	0,75	-0,80	0.00	Hs.169248		5,00
1833.	AOTTITIATO		0,70	-0,00	0,00	113.1032-10	Homo sapiens,	3,00
1000.							Similar to zinc	
	ACCACAAAAA	-4	0,75	-0,80	0.00	Hs.14831	finger pro	5,00
1834.	710071071171171		0,70	-0,00	0,00	1 13. 1403 1	proteasome	5,00
1054.						1	(prosome,	
							macropain)	
	AGTAATCATCA	-4	0,75	-0,84	0.00	Hs.75925	inhibito	4 76
1835.	AOIAAIOAIOA		0,73	-0,04	0,00	MS.73923	KIAA0256 gene	4,76
1000.								
							product	
	AAACTGTTCAA	4	0.75	اده ۸	0.00	Ha 440070	[Swissprot:	4.70
1000	AAACIGIICAA	-4	0,75	-0,84	0,00	Hs.118978		4,76
1836.							Lin-7b protein;	
	ACAACCCCCTC	1	0.75	0.00	0.00		likely ortholog of	4
1007	AGAAGGCGGTG	-4	0,75	-0,88	0,00	Hs.293686		4,55
1837.	ACACACTOACA		~ ~-				EST [Swissprot:	
1000	ACAGAGTGAGA	-4	0,75	-0,95	0,00	Hs.335165		4,21
1838.							ribosomal	
						-	protein S25	
	A C C C T A A A A C C	١ .					[Swissprot:	
1000	AGGCTAAAAGC	-4	0,75	-1,03	0,00	Hs.113029		3,88
1839.							translocase of	
							inner	
			[mitochondrial	
	ACTGTTTGGCA	-4	0,75	-1,07	0,00	Hs.323914		3,74
1840.	4						ESTs	
							[Swissprot:	
	AATATTCATAG	-4	0,75	-1,18	0,00	Hs.232765		3,39
1841.				ł			EST [Swissprot:	
	AGAATCGTTTG	-4	0,75	-1,18	0,00	Hs.136299	none]	3,39
1842.				1			EST [Swissprot:	
	AGCCACCATAC	-4	0,75	-1,22	0,00	Hs.236051	none]	3,28
1843.							Homo sapiens,	
							clone	
							IMAGE:4295273	
	AATTGTAGTTA	-4	0,75	-1,30	0,00	Hs.301746	, mRNA	3,08
1844.							ESTs	
				İ			[Swissprot:	
	AAGTTTTTAGT	-4	0,75	-1,30	0,00	Hs.149917	none]	3,08
1845.					·		KIAA0737 gene	-,
			J				product	
							[Swissprot:	
	ACATCTGGCTT	-4	0,75	-1,34	0.00	Hs.194035		2,99
1846.							EST [Swissprot:	
	GGGTCAGGAGA	-4	0,75	-1,41	0.01	Hs.292734		2,84
1847.			-,, 5	- '			regulator of G-	2,04
							protein signalling	
	CTTTGATGCGG	-4	0,75	-1,41	0,01	Hs.183601	16 [S	2,84
1848.			-,,,	- ''-	0,01	. 15. 155501	fragile X mental	2,04
5.	AAGACTCCCTT	-4	0,75	-1,45	0.02	Hs.82712	retardation,	2,76
			-,, -		<u> </u>	. 10.021 12		2,10

							autosomal	
1849.							BBP-like protein	
							1 [Swissprot:	
	CAAGGAGATCT	-4	0,75	-1,45	0,02	Hs.7471	sp Q9BSR	2,76
1850.							par-3 partitioning	
	TOTTO 4 6 4 6 6		0.75	4 45	0.00	70040	defective 3	
1851.	TCTTGAACAGC	-4	0,75	-1,45	0,02	Hs.72249	homolog (2,76
1051.	1						caspase recruitment	
							domain protein	
	AGAATGTACGG	-4	0,75	-1,45	0.02	Hs.57973	10 [2,76
1852.							Homo sapiens	
]							cDNA FLJ25172	
	ATTACACCACT	-4	0,75	-1,45	0,02	Hs.254565	fis, clone CB	2,76
1853.							similar to	
						l	unknown protein	
1054	AACTATAAACG	-4	0,75	-1,45	0,02	Hs.22393	[Swissprot:	2,76
1854.							glyceronephosp hate O-	
							acyltransferase	
	GAAATCTGTCC	-4	0,75	-1,45	0.02	Hs.12482	[S	2,76
1855.		•	,, -	.,,,	,		ESTs, Highly	
							similar to	
			,				IM44_HUMAN	
	GTGAAGTTGCG	-4	0,75	-1,45	0,02	Hs.123178		2,76
1856.							Homo sapiens	
	CCCAACATACT		0.75	4 40	0.00		cDNA FLJ11933	
1857.	GGCAACATAGT	-4	. 0,75	-1,49	0,03	Hs.293921		2,68
1657.			*				DKFZP566C042 4 protein	
	,						Swissprot:	
	CCCTGGGCTTC	-4	0,75	-1,49	0.03	Hs.226770		2,68
1858.				,			dishevelled, dsh	
	-						homolog 3	
	GGAAACCCCAG	-4	0,75	-1,49	0,03	Hs.174044	(Drosophila)	2,68
1859.	,						transcriptional	
	COCOTTOCOCT	الما	0.75	4 40	0.00	450400	adaptor 3-like	
1860.	GCCCTTCCCCT	-4	0,75	-1,49	0,03	Hs.158196		2,68
1000.							hypothetical protein	
							FLJ20037	
	CTGGCTATCCG	-4	0,75	-1,49	0.03	Hs.10784	[Swisspro	2,68
1861.							EST, Moderately	
							similar to	
	GTGAAACTCCC	-4	0,75	-1,53	0,04	Hs.336755	MOST-1 prote	2,61
1862.							ESTs	
	AACCCAGCACT	ار	0.75	4.50	0.04	110 242452	[Swissprot:	0.04
1863.	AACCCAGGAGT	-4	0,75	-1,53	0,04	Hs.313159		2,61
1000.							hypothetical protein	
	GTGGCTCTTGC	-4	0,75	-1,53	0,04	Hs.300224	splQ96	2,61
1864.							cyclin-	
							dependent	
							kinase inhibitor	
1 .	IATCAAAAAAAA I	-4	0,75	-1,53	0,04	Hs.29656	2D (p1	2,61
400-								
1865.	GAGTTAAAAAA	-4	0,75	-1,53	6 6 4	Hs.180255	major histocompatibilit	2,61

							y complex, class	
1866.							KIAA0220	
							protein	
							[Swissprot:	
4007	CCTGTAGTCCA	-4	0,75	-1,53	0,04	Hs.110613		2,61
1867.							Homo sapiens	
	CCCACCCTCCA	ارا	0.75	4.50	0.04	110 404607	cDNA FLJ10158	2.50
1868.	GGCAGGGTCGA	-4	0,75	-1,56	0,04	Hs.104627	fis, clone HE B-cell	2,56
1000.							CLL/lymphoma 6	
	CTTGTGTTATA	-4	0,75	-1,60	0.05	Hs.155024		2,50
1869.	OTTOTOTIALIA		0,10	1,00	0,00	113.100024	ESTs	2,00
1000.						1	[Swissprot:	
	СТССТТТТТТТ	-4	0,75	-1,64	0.06	Hs.33505	none]	2,44
1870.			•				hypothetical	
						:	protein	
							FLJ21019	
	GACCCTTTTGG	-4	0,75	-1,64	0,06	Hs.312705	[Swisspro	2,44
1871.				,			RNA binding	
							motif, single	
<u> </u>	GATTTTTCTGA	-4	0,75	-1,64	0,06	Hs.241567	stranded inter	2,44
1872.		-					phosphate	
	00704000444		0.75	4.04			cytidylyltransfera	
1072	GCTGACGGAAA	-4	0,75	-1,64	0,06	Hs.226377	se 2, ethano	2,44
1873.		,					ESTs, Weakly	
							similar to 2004399A	
	TCATTGCACTC	-4	0,75	-1,68	0.07	Hs.347498	l	2,38
1874.	TOATTOOACTO		0,73	-1,00	0,01	118.547490	nuclear factor I/B	
10,4.						ļ	[Swissprot:	
ŀ	GGCAGACACAT	-4	0,75	-1,68	0.07	Hs.33287	sp 00071	2,38
1875.				.,		110.00207	modulator	
							recognition	
	ССССТСССТСС	-4	0,75	-1,72	0.08	Hs.920	factor I [Swisspr	2,33
1876.	• :						KIAA0652 gene	
							product	
1			-				[Swissprot:	
	AAAGGAATGAG	-4	0,75	-1,72	0,08	Hs.79672	sp 07	2,33
1877.							hypothetical	
							protein	
	00040047047		0.75	4 70	0.00		FLJ10509	
4070	GGCAGGATGAT	-4	0,75	-1,76	0,08	Hs.274319		2,27
1878.							hypothetical	
1							protein FLJ10422	
	AGCCACCGCTC	-4	0,75	-1,76	0.08	Hs.267905	Swisspro	2 22
1879.	7.000,000010		0,73	-1,70	0,08	1118.201900	similar to	2,27
,						-	APOBEC1	İ
							[Swissprot:	
	ACAAAGCCCCA	-4	0,75	-1,79	- 0.09	Hs.8583	sp Q96F1	- 2,23
1880.			11.		,		origin	
1							recognition	
1							complex, subunit	
	CCTATAGTCCT	-4	0,75	-1,79	0,09	Hs.41694	2-li	2,23
1881.							Homo sapiens,	
							Similar to RIKEN	
1.5.	TAAGAGTGCTG	-4	0,75	-1,79	0,09	Hs.294022	cDNA 2010	2,23
1882.	ACTGGGTGGAA	-4	0,75	-1,83	0,10	Hs.59622	hypothetical	2,19
								

BCO01096 Swisspro			Т						
1883.				ŀ				protein	
1883. AACCACTGTGC									
AACCACTGTGC	4000								
AACCACTGTGC	1003.								
AACCACTGTGC							,		
1884		AACCACTGTGC	-4	0.75	-1 83	0.10	He 26054		2 10
CCTATAATCCT	1884	77007010100		0,70	-1,00	0,10	113.2030-		2,10
1886. AGCACCAGAAC	1004.	CCTATAATCCT	-4	0.75	-1 87	0 11	Hs 325647		2 14
AGCACCAGAAC	1885	0017117411001		3,10	-,,,,,	0, 1 1	110.020011		
AGCACCAGAAC	1000.								
AGCACCAGAAC									
1886. ACAGCTAACAG		AGCACCAGAAC	-4	0,75	-1,91	0,12	Hs.60103		2,09
ACAGCTAACAG	1886.								
ACAGCTAACAG									
1887. CTTATAATCCC								FLJ22150 fis,	
CTTATATCCC	L	ACAGCTAACAG	-4	0,75	-1,91	0,12	Hs.303394		2,09
1888. CCTGTAGTCGC	1887.	-							
CCTGTAGTCGC		CTTATAATCCC	-4	0,75	-1,91	0,12	Hs.289742		2,09
CCTGTAGTCGC	1888.								
CCTGTAGTCGC									
1889. CTTCAATTCTG		00707407000				0.40			
CTTCAATTCTG	4000	CCIGIAGICGC	-4	0,75	-1,91	0,12	Hs.278898		2,09
CTTCAATTCTG	1889.		•						
1890. CCATTGCACTA		CTTCAATTCTC		0.75	1 01	0.12	Un 167700		2.00
CCATTGCACTA	1890	CITOARTICIG		0,73	-1,51	0,12	115.107700		2,09
CCATTGCACTA	1090.			,					
1891. Homo sapiens, Similar to RD RNA-binding 2,09		CCATTGCACTA	-4	0.75	-1.91	0.12	Hs 115140		2 09
TGCTGTGTCCA	1891.	00/11/00/10/1/	<u>'</u> -	0,70	1,01		110.1101-10		2,00
TGCTGTGTCCA									
1892.		TGCTGTGTCCA	-4	0,75	-1,91	0,12	Hs.106061		2,09
TGGCTTCCCCA	1892.								
TGGCTTCCCCA								protein	
1893. GTGGCAGACGC		•							
GTGGCAGACGC		TGGCTTCCCCA	-4	0,75	-1,95	0,13	Hs.279851		2,05
1894.	1893.								
TTCTAGTCTGC -4 0,75 -1,98 0,13 Hs.289107 [Sw 2,02 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein FLJ14800 [Swisspro 1,98 hypothetical protein ligase E3A hypothetical protein ligase E3A		GTGGCAGACGC	-4	0,75	-1,98	0,13	Hs.312609		2,02
TTCTAGTCTGC -4 0,75 -1,98 0,13 Hs.289107 [Sw 2,02 hypothetical protein FLJ14800 TGTCCTCCCCA -4 0,75 -2,02 0,14 Hs.62119 [Swisspro 1,98 splicing factor GCAAATGCCGT -4 0,75 -2,02 0,14 Hs.3991 [Swissprot: 1,98 ISwissprot: 1,98 ISwissprot: 1,98 ISwissprot: 3,98 ISWissprot: 3,98 ISWissprot: 3,98 ISWissprot: 4 0,75 -2,06 0,15 Hs.33287 Sp 00071 1,94 ISWissprot: 3,98 I	1894.								
TTCTAGTCTGC							j		
1895. hypothetical protein FLJ14800 Swisspro 1,98 1896. PRP4/STK/WD Splicing factor Swissprot: 1,98 1897. AGCCAGCCATT		TTOTACTOTO		0.75	4.00	0.40	11- 000407		0.00
TGTCCTCCCA	1005	TICIAGICIGC	-4	0,/5	-1,98	0,13	HS.289107		2,02
TGTCCTCCCA -4 0,75 -2,02 0,14 Hs.62119 FLJ14800 Swisspro 1,98 1896. PRP4/STK/WD Splicing factor Swissprot: 1,98 1897. CTACAATTTC -4 0,75 -2,06 0,15 Hs.33287 Split hand/foot malformation CTACAATTTC -4 0,75 -2,10 0,16 Hs.24307 Cetrodacty 1,90 1899. CTACAATTTC 1,90 Ubiquitin protein 1898. CTACAATTTC 1,90 Ubiquitin protein 1899. CTACAATTTC 1,90 CTACAATTTC 1,90 1899. CTACAATTTTC 1,90 CTACAATTTTC 1,90 1899. CTACAATTTTC 1,90 CTAC	1095.								
TGTCCTCCCA									
1896.		TGTCCTCCCCA	_4	0.75	-2 02	0.14	Hs 62110		1 02
GCAAATGCCGT	1896			5,70	2,02	0,17	1.10.02110		1,30
GCAAATGCCGT	.555.								
1897.		GCAAATGCCGT	-4	0.75	-2.02	0.14	Hs.3991		1.98
AGCCAGCCATT -4 0,75 -2,06 0,15 Hs.33287 Sp O0071 1,94 split hand/foot malformation (ectrodacty 1,90 ligase E3A	1897.								
AGCCAGCCATT					·		1		
1898. split hand/foot malformation (ectrodacty 1,90 ligase E3A	<u>L</u>	AGCCAGCCATT	4	0,75	-2,06	0,15	Hs.33287		1,94
CTACAATTTC -4 0,75 -2,10 0,16 Hs.24307 (ectrodacty 1,90 ubiquitin protein ligase E3A	1898.							split hand/foot	
1899. ubiquitin protein ligase E3A								malformation	
ligase E3A		CTACAATTTTC	-4	0,75	-2,10	0,16	Hs.24307		1,90
	1899.	,							
CTGTAAAACAA -4 0,75 -2,10 0,16 Hs.180686 (human papi 1,90									
	L	<u> CTGTAAAACAA</u>	4	0,75	-2,10	0,16	Hs.180686	(human papi	1,90

139

1900.		Ţ			····-		hypothetical	
				l			protein	
	,						HDCMC04P	
	GAAAATATCAA	-4	0,75	-2,10	0,16	Hs.15423	[Swisspro	1,90
1901.							zinc finger	
							protein 91	
	CCACACCTCAC	4	0.75	امرما	0.47	10000	homolog	4 07
1902.	GGACAGCTCAG	-4	0,75	-2,14	0,17	Hs.46366	(mouse)	1,87
1902.							ovarian cancer overexpressed 1	
	ACTTTTGCCCC	-4	0,75	-2,14	0.17	Hs.349093		1,87
1903.						110.01000	ESTs, Weakly	1,01
	*						similar to	
	AGGTCGGGAGA	-4	0,75	-2,14	0,17	Hs.323389	neuronal thread	1,87
1904.							ESTs, Weakly	
							similar to	
							ALU1_HUMAN	
1000	AGGCCAGGAGT	-4	0,75	-2,14	0,17	Hs.128181		1,87
1905.							hypothetical	
							protein	
	CCCTGCTTCCA	-4	0,75	-2,18	0.10	Hs.181077	DKFZp586I021 Swis	1 00
1906.	CCCIGCITCOA		0,73	-2,10	0,10	П8. 10 10//	ESTs.	1,83
1300.							Moderately	
							similar to	
	AAAGTGAAAAA	-4	0,75	-2,21	0,18	Hs.183868	A26581 beta-	1,81
1907.					,		peptidylprolyl	.,,
Ì							isomerase C	
	ACCGTCCACTC	-4	0,75	-2,21	0,18	Hs.110364		1,81
1908.							EST [Swissprot:	
	GTGGCGCACTC	-4	0,75	-2,25	0,19	Hs.314087		1,78
1909.							hypothetical	
	COTATOTOACO	اد	0.75	0.05	0.40	450000	SBBI03 protein	4 70
1910.	GCTATCTCAGC	-4	0,75	-2,25	0,19	Hs.153639		1,78
1910.							ESTs, Weakly similar to	
	GCCTTGGGGGC	-4	0,75	-2,29	0.20	Hs.75658	AF082568 1 zinc	1 75
1911.	00011000000		0,70		0,20	118.75050	EST [Swissprot:	1,75
	ACTGCACTCCA	-4	0,75	-2,29	0.20	Hs.313616		1,75
1912.						1101010010	PAP-1 binding	1,70
							protein	
							[Swissprot:	
	CCCGCTCTTGA	-4	0,75	-2,29	0,20	Hs.118282		1,75
1913.							EST [Swissprot:	
	GCAAAACCCCC	-4	0,75	-2,33	0,21	Hs.275422		1,72
1914.	.]						KIAA0552 gene	1
							product	
	AGTGCCCCTCT	ار	0.75	2 27	0.00	H= 00000	[Swissprot:	4.00
1915.	AG IGCCCCTCT	-4	0,75	-2,37	0,22	Hs.90232	sp O6	1,69
1 2 10.							ESTs, Weakly similar to	
						l	CYL1 HUMAN	
	GACGGCCAGAG	-4	0,75	-2,37	0 22	Hs.294142		1,69
1916.	2		0,10	-,01	<u> </u>	110.207142	KIAA0460	1,08
							protein	
							Swissprot:	
	GAGGAGGAGGT	-4	0,75	-2,40	0,22	Hs.29956	sp O75048;	1,67
1917.	GTATACAACAA	-4	0,75	-2,40	0,22		steroid	1,67
						1	1	

140

Γ			-			r	Talaharaha	<u> </u>
							dehydrogenase homolog	
							[Swisspro	
1918.							RAP1A, member	
		-					of RAS	
	ATCCTCCCTAT	-4	0,75	-2,44	0.22	He 965	oncogene family	4.04
1919.	AIGCICCCIAI	-4	0,73	-2,44	0,∠3	Hs.865	[S Homo sapiens,	1,64
					,		clone	
							IMAGE:4391536	
4000	ACCCCAGCAAC	-4	0,75	-2,44	0,23	Hs.334534	 	1,64
1920.							testis	
							intracellular mediator protein	
	AGACCTCCTTC	-4	0,75	-2,44	0.23	Hs.281706		1,64
1921.							ESTs, Weakly	.,
						-	similar to	
	GCGAGACCCCA	-4	0,75	2 44	0.00	Ha 260026	KIAA1503	4.04
1922.	GCGAGACCCCA	-4	0,75	-2,44	0,23	Hs.268826	APG12	1,64
							autophagy 12-	
							like (S.	
1000	GTGGCTTACAC	-4	0,75	-2,44	0,23	Hs.264482	cerevisiae)	1,64
1923.							hypothetical	
							protein FLJ20686	
	GCCGGGCACGG	-4	0,75	-2,52	0,25	Hs.271480		1,59
1924.			·		***************************************		cytochrome	.,,00
							P450, subfamily	
1925.	AACCAATCTGG	-4	0,75	-2,52	0,25	Hs.154654	I (dioxin-ind	1,59
1920.	-						N- acetyltransferas	
					-		e 5 (ARD1	
	GTTCATAGTAT	-4	0,75	-2,56	0,26	Hs.109253		1,56
1926.							hypothetical	
							protein	
	GGCTTGGGGAG	-4	0,75	-2,63	0.27	Hs.339808	FLJ10120	1,52
1927.		· ·	3,73	2,00	0,27	110.000000	importin 13	1,02
							[Swissprot:	
	CCACACATTAC	4	0.75	0.07	0.00		sp O94829;sp Q	
1928.	GCACAGATTAC	-4	0,75	-2,67	0,28	Hs.158497	thioredoxin-like 2	1,50
1020.							[Swissprot:	
	TTTTGTGTATT	-4	0,75	-2,71	0,29	Hs.42644	sp O7600	1,48
1929.							neurabin II	
							[Swissprot:	
	CCCTCTGTCAG	-4	0,75	-2,71	0.20	Hs.110095	sp Q96B17;sp Q 9	4.40
1930.	000101010/10		0,70	-2,1	0,23	118.110095	glucosidase I	1,48
				·			[Swissprot:	
155	CCACTCTGGCT	-4	0,75	-2,75	0,30	Hs.83919	sp Q13724;sp	1,45
1931.							olfactomedin 1	
	TAACCGCAGAT	-4	0,75	-2,75	0.20	Ho 74276	[Swissprot:	, , ,
1932.	1,71,000,00,00,1	-4	0,75	-2,13		Hs.74376	sp Q96BL8;sp hypothetical	1,45
							protein PP591	
	ACCTCCCACCC	-4	0,75	-2,75	0,30	Hs.118666	Swissprot:	1,45

1933.						T	Home contract	
1833.		ŀ					Homo sapiens cDNA:	
							FLJ23020 fis,	
	СТСТЕСТТСТ	-4	0,75	-2,82	0.31	Hs.6127	clone L	1,42
1934.	00101001101		0,70	-2,02	0,51	118.0127	hypothetical	1,42
1004.							protein from	
							EUROIMAGE	
	CTAGCCAGCAG	-4	0,75	-2,86	0.32	Hs.24983	2021	1,40
1935.	01710007100710		0,70	-2,00	0,02	118.24303	Homo sapiens,	1,40
1000.						l	clone	
							IMAGE:3611719	
	AAGACCGAGGG	-4	0,75	-2,90	0.33	Hs.244482		1,38
1936.	7		- 0,7.0		- 0,00	110.211102	WW domain-	1,00
		-					containing	
1							protein 1	
	GCTGTTCAGAA	-4	0,75	-2,94	0,34	Hs.324275		1,36
1937.				2,01	0,01	110.02-1210	ribosomal	1,50
							protein S14	
							Swissprot:	
	TCACTGATCTT	-4	0,75	-2,94	0,34	Hs.244621		1,36
1938.			-,, -			1.0.21.021	KIAA1547	1,00
							protein	
							[Swissprot:	
	GGATGTGGAGG	-4	0,75	-2,98	0.35	Hs.31305	splQ9HCM5;	1,34
1939.			-,,, -		0,00	1.0.01000	Homo sapiens	1,04
		•					cDNA FLJ14073	,
	CCTTTAATCCC	-4	0,75	-2,98	0.35	Hs.296751	fis, clone HE	1,34
1940.					0,00	1101200701	EST, Moderately	1,04
							similar to	
	<u> стесстесес</u>	-4	0,75	-3,01	0.36	Hs.312098	1	1,33
1941.			- 11 -		- 0,00	1101012000	capicua	1,00
				,			homolog	
	'						(Drosophila)]
	TGCAATATTTC	-4	0,75	-3,01	0.36	Hs.306117	[Swissprot	1,33
1942.							calpastatin	1,00
							[Swissprot:	*
							sp O95360;sp P	
	ATTTCTGCTGG	-4	0,75	-3,01	0,36	Hs.279607	2	1,33
1943.							glucose	,
-							phosphate	
	,						isomerase	
	GAGTAAAAAAA	-4	0,75	-3,01	0,36	Hs.16131	[Swissprot:	1,33
1944.							secretory carrier	
							membrane	i
	CTCCCCATCAG	-4	0,75	-3,05	0,36	Hs.238030	protein 2 [S	1,31
1945.					-		coagulation	,=:
							factor III	
	TAGGAAAGTAA	-4	0,75	-3,09	0,37	Hs.62192	(thromboplastin,	1,29
1946.							EST [Swissprot:	
	ATCGCGCCACT	-4	0,75	-3,09	0,37	Hs.317612	none]	1,29
1947.		-,	-				EST [Swissprot:	,
	AACAGACACTT	-4	0,75	-3,09	0,37	Hs.313731	none)	1,29
1948.					· ·		UDP-N-acetyl-	-,
]	alpha-D-	
							galactosamine:p	
	TGAACAGTAAT	-4	0,75	-3,13	0.38	Hs.80120	olyp	1,28
1949.							phosphatidylseri	
	CTGCCTCCGTG	-4	0,75	-3,13	0.38	Hs.12851	ne synthase 2	1,28
						· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		.,

							[Swisspro	
1950.							membrane	
							interacting	
	ATTACACCACC	ار	0,75	2 4 2	0.30	Hs.107014	protein of RGS16 [1,28
1951.	ATTACACCACG	-4	0,75	-3,13	0,36	MS.10/014	map kinase	1,20
1301.							phosphatase-	
							like protein MK-	
	GATCCGCTCTA	-4	0,75	-3,17	0,39	Hs.11615	S	1,26
1952.							DEAD/H (Asp-	
	CTATGTGTTAC	-4	0,75	-3,21	0.40	Hs.74578	Glu-Ala-Asp/His)	1,25
1953.	CIAIGIGIIAC	-4	0,75	-3,∠1	0,40	MS.14010	box polypep ESTs, Weakly	1,20
1000.							similar to	
							ALU8_HUMAN	
	CCTGGAATCCC	-4	0,75	-3,21	0,40	Hs.270605		1,25
1954.							likely ortholog of	
	TGGAGATGTGA	4	0,75	-3,21	0.40	Hs.16130	mouse ubiquitin- conju	1,25
1955.	IGGAGAIGIGA		0,73	-0,21	0,40	118.10130	KIAA1460	1,20
.555.							protein	
							Swissprot:	
	GTTCTCAGGAA	-4	0,75	-3,28	0,41	Hs.6968	sp Q9NV59;	1,22
1956.	,						heme	
							oxygenase (decycling) 2	
·	CCACACCGGTA	-4	0,75	-3,28	0.41	Hs.284279		1,22
1957.			0,7.0	0,20	,		adaptor-related	
			-				protein complex	
1050	TGCTGCATTGA	-4	0,75	-3,32	0,42	Hs.5344	1, gamma	1,20
1958.						•	Rag C protein	
.	GGAGCTGCTGC	-4	0,75	-3,32	0.42	Hs.110950	Swissprot: sp Q9H202;sp	1,20
1959.	00/100/100		0,70	0,02	0,72	110.110000	ESTs, Weakly	1,20
	,			i			similar to	
			1				CGHU1S	
1000	CCCTCTGTGAT	-4	0,75	-3,36	0,43	Hs.323445		1,19
1960.							ubiquitin-	
İ							conjugating enzyme E2H	
	AAGCAAAAGGT	-4	0,75	-3,40	0,44	Hs.28505	(UBC8 h	1,18
1961.							receptor	
							(calcitonin)	
	CCCCCTACTTC	,	0.75	242	0.45	11- 20000	activity	4 47
1962.	GCCGCTACTTC	-4	0,75	-3,43	0,45	Hs.32989	modifying EST [Swissprot:	1,17
1302.	AGCCTGGGAGG	-4	0,75	-3,43	0.45	Hs.308148		1,17
1963.			1 3,	3,.9	3,.0	1.0.000 10	NAD kinase	.,.,
							[Swissprot:	
	ACCOTOCOCA						sp O95544;sp Q	
1964.	ACCCTGGGCAC	-4	0,75	-3,43	0,45	Hs.220324		1,17
1904.							HSPC189 protein	
							[Swissprot:	
	GCAGAGCCTTG	-4	0,75	-3,43	0,45	Hs.20768	sp[Q9P0T4;]	1,17
1965.							active BCR-	
	A A T A T O T O + O =] .					related gene	
L	AATATCTGACT	4	0,75	-3,43	0,45	Hs.118021	[Swissprot: sp]	1,17

143

1966.			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·				Homo coniono	
1300.							Homo sapiens cDNA:	
							FLJ21664 fis,	
	GTGGCGTATGC	-4	0,75	-3,51	0,46	Hs.306799	clone C	1,14
1967.							LOC88745	
							[Swissprot:	
		_ [sp Q96EU6;sp Q	
	GAGTCTGTTCG	-4	0,75	-3,51	0,46	Hs.283636		1,14
1968.						j	phosphomanno	-
							mutase 1	
	CTCCACCTGGT	-4	0,75	-3,55	0,47	Hs.75835	[Swissprot: sp]Q92	4 42
1969.	01004001001		0,75	-5,55	0,47	118.7 0000	phosphoenolpyr	1,13
1000.							uvate	
							carboxykinase 2	
	TCAACTGGTTC	-4	0,75	-3,55	0.47	Hs.75812	(mit	1,13
1970.			-				opioid growth	.,,
	,						factor receptor	
	ACCCACAGTGC	-4	0,75	-3,55	0,47	Hs.67896	[Swisspro	1,13
1971.							LIM domain	
							protein	
	TOCACTOACTO			0.50	0.40		[Swissprot:	
1972.	TGCAGTGACTG	-4	0,75	-3,59	0,48	Hs.79691	spIP5047	1,11
1972.							chromatin-	
							specific transcription	
	CCTTGGGCCTA	-4	0,75	-3,59	0.48	Hs.14963	elongat	1,11
1973.	001100000.77		0,10	0,00	0,10	110.14000	tuberous	1,11
		1					sclerosis 2	
	·		,]	[Swissprot:	
	GAGGGCCTTGT	-4	0,75	-3,63	0,49	Hs.90303	sp P49	1,10
1974.							centaurin, delta	
							2 [Swissprot:	
1075	GGGTTCCCCGG	-4	0,75	-3,63	0,49	Hs.21264	sp 09487	1,10
1975.							Homo sapiens	
	GCCGCCGC	-4	0,75	2 62	0.40	Un 205005	cDNA FLJ31951	4.40
1976.	GCCGCCGC	-4	0,75	-3,63	0,49	HS.205805	fis, clone NT KIAA0676	1,10
1370.							protein	
	-						Swissprot:	
	GGGCTGCTCTT	-4	0,75	-3,70	0.50	Hs.155829	sp 075163;	1,08
1977.							high-mobility	.,,,,,
							group	
							(nonhistone	
<u> </u>	CCAATTTACAA	-4	0,75	-3,74	0,51	Hs.343953	chromoso	1,07
1978.							lecuine-rich	
	ACACTOTTA A A		0.75	2.05	0.54	110 74004	acidic protein-	
1979.	ACAGTGTTAAA	4	0,75	-3,85	0,54	Hs.71331	like protein	1,04
ופופון.							nicastrin	
	CCAGATTTTGG	-4	0,75	-3,93	0.55	Hs.4788	[Swissprot: sp Q92542;]	1,02
'			3,70	0,00	0,00	110.7700	GTP binding	1,02
1980							protein 2	
1980.						i		i
1980.						1	Swissprot:	1
1980.	GACTCAGGGAT	-4	0,75	-3,93	0.55	Hs.13011	[Swissprot: sp Q8	1.02
1980. 1981.	GACTCAGGGAT	-4	0,75	-3,93	0,55	Hs.13011	Swissprot: sp Q8 bromodomain-	1,02
	GACTCAGGGAT GCCCGCAAGCT	-4 -4	0,75 0,75	-3,93 -3,97			sp Q8	1,02

1982.		I					interleukin		
·			*				enhancer		
	TOAAAOTAAOA	- 1					binding factor 3,		
1983.	TGAAAGTAACA	-4	0,75	-3,97	U,56	Hs.256583	9 RNA polymerase	1,01	
1900.							I 16 kDa subunit		
	TGCTTGACAAG	-4	0,75	-3,97	0,56	Hs.106127		1,01	
1984.							cellular retinoic		
	CTCACCCCCT		0.75	4.04	0.55		acid binding		
1985.	CTCACCGCCCT	-4	0,75	-4,01	0,57	Hs.183650		1,00	
1303.							splicing factor 3b, subunit 4,		
	GATACACTGGC	-4	0,75	-4,20	0,61	Hs.25797	49kD [Sw	0,95	
1986.							chromobox		
							homolog 6		
	СССССТСССТ		0.75	4.00	0.04	11. 407074	[Swissprot:		
1987.	GGCCCCTCCCT	-4	0,75	-4,20	0,61	Hs.107374	sp Q96E S-	0,95	
1901.				}			adenosylhomocy		
							steine		
	GCTTGTTAAGA	-4	0,75	-4,24	0,62	Hs.4113	hydrolase-like 1	0,94	
1988.							RAB31, member		
	ATTOTOOTTOO	_[RAS oncogene	_ [
1989.	ATTGTGCTTGC	-4	0,75	-4,24	0,62	Hs.223025		0,94	
1909.							Homo sapiens, clone		
							IMAGE:3028427		
	TTGGCATTGTC	-4	0,75	-4,27	0,63	Hs.306117	, mRNA,	0,94	
1990.							VAMP (vesicle-		
	TOO 4 OCTOO 5	ا,			<u>.</u>	l.,	associated		
1004	TGGAGGTGGGG	-4	0,75	-4,31	0,63	Hs.182625		0,93	
1991.							mitochondrial		
	CTCAAGCACCA	-4	0,75	-4,50	0 68	Hs.279652	ribosomal protein L4 [Swi	0,89	
1992.			5,,0	.,00	0,00	110.21 0002	proteoglycan 1,	0,09	
		İ					secretory	l	
10	GCCATAAAATG	-4	0,75	-4,58	0,69	Hs.1908	granule [Swis	0,87	
1993.		l		,			putative UDP-		
	TACAATTGTGA	-4	0.75	1 66	0.74	Ha 407000	GalNAc:polypept		
1994.		-4	0,75	-4,66	0,71	Hs.107260	ide N-acetyl suppressor of Ty	0,86	
.554.							5 homolog (S.		-
	TGCTCTGTGTA	-4	0,75	-4,69	0,72	Hs.70186	cerevisia	0,85	
1995.							mitochondrial		
	TOOAGAAGGG						ribosomal		
1996.	TGCAGAACGGC	-4	0,75	-4,73	0,73	Hs.20776	protein S2 [Swi	0,85	
1990.			}	ĺ			RAB13, member	ľ	
	GAATCCGATTT	-4	0,75	-4,77	0.73	Hs.151536	RAS oncogene family [Swis	0,84	
1997.			3,70	7,11	0,70		nitrogen fixation	0,04	
			1				cluster-like		
	CAAGCAAAATA	-4	0,75	-4,81	0,74	Hs.9908	[Swisspr	0,83	
1998.				T			N-myc		
				.			downstream		
	GGACTTTCCTT	-4	0,75	-4,81	0.74	He 75790	regulated gene 1	0.00	
		-41	0,/0	-4,O I	0,74	Hs.75789	[Swis	0,83	
1999.	00/10/1/100/1						hypothetical		

				j			MGC3181 [Swissprot	
2000.							hypothetical	
2000.							protein	
							BC013995	
	CCTGCCCACCC	-4	0,75	-4,81	0,74	Hs.250700		0,83
2001.					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		RAB3A, member	· · · · · ·
	·		-		*		RAS oncogene	
	ACAACACTACA	-4	0,75	-4,85	0,75	Hs.27744	family [Swis	0,82
2002.		:					interleukin	
			,				enhancer	
	толооторого	ا	0.75	4 00	0.70	11- 050500	binding factor 3,	0.00
2003.	TCAGCTGGCCC	-4	0,75	-4,88	0,76	Hs.256583		0,82
2003.				i			RNA, U2 small nuclear	
							[Swissprot:	
	GCGAAACCCCC	-4	0,75	-4,88	0.76	Hs.136075		0,82
2004.	330,11,0333	-	3,10	1,55	0,10	11.0.100010	IMP (inosine	0,02
-55	-						monophosphate)	
	GCCGCCTGCCT	-4	0,75	-4,92	0,77	Hs.850	dehydrogenas	0,81
2005.							ESTs, Weakly	
							similar to	
	GCAAGACCCCA	-4	0,75	-5,04	0,79	Hs.170861	 	0,79
2006.							brain-	
				Ī			immunoglobulin-	
	OTTTO A CO A CT		0.75	- no	0.00	11- 450444	like molecule	0.70
2007	GTTTCAGGAGT	-4	0,75	-5,08	0,80	Hs.156114		0,79
2007.							dynein,	
			j	ŀ			cytoplasmic, light	
	CTATCAGTTTT	-4	0,75	-5,23	0.83	Hs.194625		0,76
2008.		·	5,. 5	0,20	- 5,00	11.0.101020	betaine-	0,10
							homocysteine	
							methyltransferas	
	ATGGCGGGTGC	-4	0,75	-5,27	0,84	Hs.172382	e 2	0,76
2009.							v-rel	
						l.:	reticuloendotheli	
	GCTGAAGGAAA	-4	0,75	-5,30	0,85	Hs.75569	osis viral oncoge	0,75
2010.							guanine	
	GCGGCGGCGA						nucleotide	
	G	-4	0,75	-5,38	0.86	Hs.5662	binding protein (G pr	0,74
2011.	0		0,10	-5,56	0,00	118.5002	ubiquitin specific	0,74
2011.							protease 11	
	GATGTTAATTG	-4	0,75	-5,38	0.86	Hs.171501		0,74
2012.			-,				inner membrane	-,
							protein,	
	TCAGTGAACGC	-4	0,75	-5,42	0,87	Hs.78504	mitochondrial (m	0,74
2013.							BCL2-antagonist	
				<u>. </u>		1	of cell death	
	GAGGCGCTGGG	-4	0,75	-5,46	0,88	Hs.76366	[Swisspro	0,73
2014.	,	·					dynein,	
							cytoplasmic,	
	TCAGACAAAAG	-4	0 7E	_5.65	0.00	He 66004	intermediate	0.74
2015.	IOAGACAAAAG	-4	0,75	-5,65	0,92	Hs.66881	polype secretory carrier	0,71
2013.							membrane	
				i I		1		
}	ATGGTGGTGGC	-4	0,75	-5,65	0 92	Hs.238030	protein 2 [S	0,71

146

0040	ı						T	
2016.							lysyl-tRNA	
							synthetase [Swissprot:	
	AAACCCGAAGA	-4	0,75	-5,92	0.98	Hs.3100	sp Q1	0,68
2017.		· · · · · · · · ·	0,10	0,02	0,00	110.0100	DEAD/H (Asp-	0,00
							Glu-Ala-Asp/His)	
	TATAAGGTGGC	-4	0,75	-5,92	0,98	Hs.169531	box polypep	0,68
2018.							U5 snRNP-	
	CTTTCCAACTC	أر	0.75	0.00	4.00	454707	specific protein,	
2019.	GTTTGCAAGTG	-4	0,75	-6,03	1,00	Hs.151787	116 kD [Swis	0,66
2019.							mitogen- activated protein	
	GCCCCCACTC	-4	0,75	-6,11	1.02	Hs.75074	kinase-activat	0,65
2020.				,			glia maturation	,
							factor, beta	
	GTGCTTGTACT	-4	0,75	-6,14	1,03	Hs.151413		0,65
2021.							poly(rC) binding	
	ATCCATCTGTG	-4	0,75	-6,26	1.05	Hs.63525	protein 2	0.64
2022.	AIGOAIGIGIG	-4	0,73	-0,20	1,00	HS.03020	[Swissprot: HIV-1 inducer of	0,64
	,						short transcripts	
	CGCGTGCACAC	-4	0,75	-6,30	1,06	Hs.104640	bindi	0,63
2023.							zinc finger	
	4.TO 4.OO 0.OO 0.OO						protein 358	
2024.	ATGAGGCCGGG	-4	0,75	-6,41	1,09	Hs.133475		0,62
2024.							SHC (Src homology 2	
						,	domain	
	GAGGGGAAACG	-4	0,75	-6,56	1,12	Hs.81972	containing) t	0,61
2025.							syndecan 3 (N-	
							syndecan)	
2026	GCCAAAACCTT	-4	0,75	-6,60	1,13	Hs.158287	[Swissprot: sp]	0,61
2026.	٠.						DKFZP434P175	
							0 protein [Swissprot:	
	CAGCGCTTTGA	-4	0,75	-6,64	1.14	Hs.7274	sp Q9	0,60
2027.							ribosomal	0,00
1							protein S3	
	4.7044.00004.0					l	[Swissprot:	
2028.	ATGAACCGCAG	-4	0,75	-6,64	1,14	Hs.252259	sp P23	0,60
2020.							poly(A) binding protein,	
	CCAAGAAAGAA	-4	0,75	-6,64	1.14	Hs.169900	cytoplasmic 4 (0,60
2029.			-,. 5		.,,,,,		retinoblastoma	- 5,00
							binding protein 4	
10000	GAGAGTAACAG	-4	0,75	-6,68	1,14	Hs.348415		0,60
2030.							Homo sapiens	
							cDNA:	
	CTCCCCCAAAA	-4	0,75	-6,68	1 14	Hs.306886	FLJ23175 fis, clone L	0,60
2031.		-	3,70	3,00	-1,17	1 13.00000	SET	0,00
							translocation	
				_			(myeloid	
0000	TTTAATTGTGA	-4	0,75	-6,68	1,14	Hs.145279		0,60
2032.							ribosomal	
	всстствтстс	-4	0,75	-6,87	1 10	He 177500	protein, large, P1 [Swissprot	0.50
2033.		-4 -4		-6,98				0,58
	LONG I GOO I GOO	-4	0,75	-0,80	1,27	Hs.347349	cell cycle	0,57

							progression 2 protein [Swiss	
2034.							polymerase	
				1			(RNA) II (DNA	
	TTGTCCAGAGG	-4	0,75	-7,02	1,22	Hs.14839	directed) polyp	0,57
2035.					,		PDZ and LIM	
			1				domain 1 (elfin)	:
	CCCGGGAGCGA	-4	0,75	-7,21	1,26	Hs.75807	[Swissprot	0,55
2036.							complement	
1	ттствтвствв	-4,36	1,29	-2,07	0.26	Hs.1279	component 1, r subcomponent	2,11
2037.	11010100100	-4,30	1,23	-2,07	0,30	115.12/5	Homo sapiens	۷,۱۱
2007.							cDNA:	
				,			FLJ21358 fis,	
	GTGGCGCGTGC	-4,36	1,29	-2,17	0,41	Hs.306744	clone C	2,01
2038.							poly(rC) binding	
							protein 2	
	AGCCAAAAAAA	-4,36	1,29	-3,01	0,91	Hs.63525	[Swissprot:	1,45
2039.							Homo sapiens	
	ACCCCAACCTC	4.00	0,88	4 40	0.00	Un 400040	cDNA FLJ32056	4.00
2040.	AGGGGAAGGTG	-4,98	0,00	-1,16	0,00	⊓S.10001Z	fis, clone NT KIAA0252	4,29
2040.							protein	
							Swissprot:	
	GGAGATGAGGA	-4,98	0,88	-1,72	0.01	Hs.83419	sp Q92541;	2,90
2041.	-	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,					EST, Moderately	
							similar to	
	AGGATGGCGGC	-4,98	0,88	-1,85	0,05	Hs.335876		2,69
2042.				l			very large G	
							protein-coupled	
00.40	CCTGTATTCCC	-4,98	0,88	-2,06	0,11	Hs.307090	receptor 1	2,42
2043.			·				hypothetical	
							protein HSA011916	
	CATTATAACTT	-4,98	0,88	-2,12	0.13	Hs.84359	[Swisspr	2,35
2044.		1,00	0,00		<u> </u>	110.01000	Homo sapiens	2,00
							cDNA FLJ33042	
	AGGCTGAGGCA	-4,98	0,88	-2,35	0,20	Hs.17834	fis, clone TH	2,12
2045.							hypothetical	
l						·	protein	
	0,000,0000	400		0.50	0.05	11- 4000 47	MGC2749	4.00
2040	GAGCAAACGGA	-4,98	0,88	-2,52	0,25	Hs.108847		1,98
2046.					•		hypothetical protein	
ļ	r	1					DKFZp761D021	
	GTGCTCTGTAC	-4,98	0,88	-3,01	0.40	Hs.322456	1 [Swi	1,65
2047.		1,55	- 0,00	0,5 1	0,10	110.022.100	glutathione	1,00
							reductase	
							[Swissprot:	
	CTGCTGCACTC	-4,98	0,88	-3,13	0,44	Hs.193974		1,59
2048.							integrin, beta 5	
	COMPONE	1 4 4 4 6 1	0.00	0.4-	A 45	11- 440045	[Swissprot:	,
20.40	CCAGGCTGCGT	-4,98	0,88	-3,17	0,45	Hs.149846	sp P18084;	1,57
2049.	· [MLN51 protein [Swissprot:	
1						1	Howisshi∩r•	
	TGTGGTGGTGT	408	ስ ልል	-3 // 2	0.54	He 83422	eniO15234-1	1 15
2050	тетестестет	-4,98	0,88	-3,43	0,54	Hs.83422	sp[O15234;]	1,45
2050.		-4,98 -4,98	0,88	-3,43 -4,22		Hs.83422 Hs.6289	sp O15234;] hypothetical protein	1,45 1,18

148

					-		FLJ20886 [Swisspro	
2051.							solute carrier	
							family 7 (cationic	
	CCTGCTCCCTG	-4,98	0,88	-4,31	0,84	Hs.184601	amino	1,16

149

Tabelle 9:

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Face/ CGAP	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient (Face/ Breast) /
					1			(Face/ CGAP)
2052.							H2A histone	, , ,
	GAGGGCCGGTG	2,95	1,04	1,82	1,34	Hs.36727	family, member J [Swissprot	1,62
2053.							calponin 3, acidic	
							Swissprot:	·
2054	TAGAAACCAGA	2,81	0,68	2,28	1,53	Hs.194662	sp Q1541	1,23
2054.		, 1					adducin 1 (alpha) [Swissprot:	
0055	TTTTACTCACA	2,81	0,68	2,57	1,8	Hs.183706	sp P35611	1,09
2055.	COTTTTOOTOT	0.04	0.00	4.00		75077	hypothetical protein FLJ13910	
2056.	GCTTTTCCTGT	2,81	0,68	4,08	2,97	Hs.75277	[Swisspro DKFZP434D133	0,69
						. ,	5 protein [Swissprot:	
2057.	GCATACCTGCA	2,81	0,68	4,32	3,13	Hs.8258	sp Q9 gene	0,65
2007.	TAOTAOATOOT						overexpressed in astrocytoma	
2058.	TAGTAGATGCT	2,81	0,68	4,32	3,13	Hs.293660	SPRY domain-	0,65
	0.70.70.40.00.00	0.54					containing SOCS box	
2059.	CTGTCAGCGGC	2,81	1,21	5,39	6,4	Hs.7247	protein (Manual	0,52
2000.							assignment) ATP2B4	-
2060.	CCCACTTGTAA	2,81	1,21	5,73	6,71	Hs.343522	<u> </u>	0,49
	GGAGAGGAAGT	2,81	0,68	6,67	4,33	Hs.16313	Kruppel-like zinc finger protein GLIS2	0,42
2061.							hypothetical protein DKFZp761F241	
	GAAGCTACACC	2,81	0,68	14,11	6,45	Hs.107253		0,20
2062.	ATGACTCAAGG	2 60	0.07				nuclear receptor subfamily 2,	
2063.	ATGACTOAAGG	2,68	0,87	1,89	1,3/	Hs.239752	group F, m programmed cell	1,42
	TOAACCACTAA			0.00			death 4	_
2064.	TGAAGCAGTAA	2,61	1,05	3,92	4,52	Hs.326248	(neoplastic tran chromosome 6	0,67
	ACCTATAAGTA	2,61	1,05	5,68	6,27	Hs.111029	open reading frame 34 [Swi	0,46
2065.							integral type I protein	
	CAAGCAGGACA	2,41	0,89	2,16	1,97	Hs.179516	[Swissprot: sp	1,12

2066.			I	j			CGI-48 protein	
t							[Swissprot:	
	TGGCAGCTTTT	2,41	0,71	2,29	1,79	Hs.6153	sp[Q9Y5J1;]	1,05
2067.							E2F transcription	
	00744000744	244	0.54	0.05	4 40	11- 400074	factor 4,	4.00
2068.	CCTAAGGCTAA	2,41	0,51	2,35	1,46	Hs.108371	p107/p130-bi [Swissprot:	1,03
	GATGCCCTCCT	2,41	0,51	2,38	1.49	Hs.143648		1,01
2069.					.,		tumor	.,
							differentially	
	ACACCTCCTCT	0.44	0.54	0.00	4.00	11- 070400	expressed 1	0.00
2070.	AGAGGTGGTGT	2,41	0,51	2,62	1,69	Hs.272168	hypothetical	0,92
2070.							protein	
							BC011816	·
	TATGCGTTTGG	2,41	0,51	2,94	1,93	Hs.76611	[Swisspro	0,82
2071.							hypothetical	
	,	İ					protein MGC4796	
	TCAGCAATAAA	2,41	0,51	2,94	1,93	Hs.21396	[Swissprot	0,82
2072.			0,01		1,00	110.21000	hypothetical	0,02
							protein	,
			0.00		4.00		FLJ14909	
2073.	AATGTGAAATG	2,41	0,28	3,02	1,38	Hs.61164	[Swisspro	0,80
20/3.	·						esophageal cancer related	
	GGAATGCCTCT	2,41	0,28	3,02	1,38	Hs.43125	gene 4 protein	0,80
2074.							egl nine	
							homolog 1 (C.	
	TAATTTGAAAA	2,41	0,28	3,14	1 12	Hs.6523	elegans)	0.77
2075.	IAAIIIGAAAA	2,41	0,20	3,14	1,43	⊓8.0323	[Swissp sel-1 suppressor	0,77
		-					of lin-12-like (C.	
	GTAGACTCTTT	2,41	0,28	3,14	1,43	Hs.181300		0,77
2076.							adaptor-related	
	TGCAGAAGTAG	244	0.00	2 24	4.40	11- 77770	protein complex	
2077.	TGCAGAAGTAG	2,41	0,28	3,21	1,40	Hs.77770	3, mu 2 hypothetical	0,75
						·	protein	
							FLJ13902	
	CCCTGGCTGTA	2,41	0,28	3,21	1,46	Hs.58127	[Swisspro	0,75
2078.							protein	
							phosphatase 1B (formerly 2C),	
	TGATGTGGAAT	2,41	0,28	3,21	1.46	Hs.5687	ma	0,75
2079.		,		, :	,,,,		hypothetical	3,13
							protein	
	GCCTCCACAGC		0.00	2.00	4 40	11- 005040	FLJ11807	
2080.	GOUTOCACAGO	2,41	0,28	3,28	1,49	Hs.285813	V-fos FBJ murine	0,73
جَمَمِنِ.							osteosarcoma	
	TCAAAAGACCT	2,41	0,28	3,35	1,51	Hs.25647	viral onco	0,72
2081.							ribosomal	
		-					protein S14	
	TAAACTGAAAA	2/4	0.74	2 27	2.04	Ho 244624	[Swissprot:	7.7
2082.	IAMACIGAAAA	2,41	0,71	3,37	2,94	Hs.244621	none] chromosome 9	0,72
_~~~	00700470000	0.44	0.54	2.46	2.2	Hs.18075	I I	0.70
' I	GCTGGATGCGG	2,41	0,51	3,46	Z.3	ITIS, IQU/O	open reading	0,70

							frame 3 [Swis	
2083.				***			Homo sapiens	
			•				cDNA:	
	TOAAOAATOTA	0.44	0.00	0.53	4.0		FLJ21560 fis,	
2084.	TGAAGAATGTA	2,41	0,28	3,57	1,6	Hs.28332	clone C	0,68
2004.							Homo sapiens mRNA for	
							KIAA1190	
	CGAGTGAGAGG	2,41	0,28	3,57	1,6	Hs.206259	protein,	0,68
2085.							cartilage	,
						.	oligomeric matrix	
2086.	CGGGGTGGCCG	2,41	0,28	3,57	1,6	Hs.1584	protein (pse	0,68
2000.	,						brain protein 44- like [Swissprot:	
	CAGTGTATATA	2,41	0,28	3,57	16	Hs.108725		0,68
2087.	0,10101717171		0,20	0,01	1,0	113.100720	ESTs, Weakly	0,00
			4				similar to	:
							2004399A	
0000	GAGAAACCCCC	2,41	0,28	3,74	1,67	Hs.333673		0,64
2088.							phafin 2	
							[Swissprot: sp Q9H8W4;sp	
	AAACCTGAGAA	2,41	0,28	3,74	1.67	Hs.29724	Q9Y2K	0,64
2089.					.,,,,,		KIAA1311	0,0.
							protein	
	TTO A OTTTTO		2.00			.	[Swissprot:	
2000	TTGACTTTTGC	2,41	0,28	3,83	1,7	Hs.61441	sp Q9P2N5;	0,63
2090.	*	Í					HYA22 protein [Swissprot:	
	CATTTTACTGG	2,41	0,28	4,03	1.77	Hs.147189		0,60
2091.			<u> </u>	1,00	1,1.7	1.0.111100	paxillin	0,00
							[Swissprot:	
							sp O14970;sp O	
2092.	GGCAAACTTTA	2,41	0,28	4,25	1,84	Hs.102497	1497	0,57
2092.							hypothetical	
	,						gene MGC19595	
	CAGATTGCTGA	2,41	0,71	4,29	3,72	Hs.77876	[Swissprot:	0,56
2093.							ESTs, Weakly	
							similar to	
	TAAACACCTCC	0.44	0.00	4.07	4.00	11- 5470	ALU1_HUMAN	
2094.	TAAACAGGTGG	2,41	0,28	4,37	1,88	Hs.5473	ALU S cyclin D-type	0,55
2004.							binding-protein 1	
	ATTTCTCATTC	2,41	0,28	4,76	2	Hs.36794	Swissp	0,51
2095.							Homo sapiens	,
	TAAAA						cDNA FLJ32156	
2096.	TAAAACCGTTT	2,41	0,28	4,91	2,05	Hs.288993	fis, clone PL	0,49
∠∪ 9 0.							hypothetical protein	İ
							PRO1635	
	TAAACCTAAAG	2,41	0,28	5,07	2,09	Hs.60548	[Swissprot	0,48
2097.				, ,	,		KIAA1078	-,.5
							protein	
	000000000000000000000000000000000000000		0.05				[Swissprot:	
2098.	GCACCAAATGA	2,41	0,28	5,07	2,09	Hs.23585	sp Q96FB3;	0,48
2090.	CTGTAGTTGCC	2,41	0,28	5,24	214	Hs.75798	chromosome 20 open reading	ا م
L	10.0.7.011000	<u> </u>	0,20	0,24	<u> </u>	118.13180	open reading	0,46

						~	frame 111 [S	
2099.	****						ESTs	
				-			[Swissprot:	
0400	ACTGATGCAAG	2,41	0,28	5,24	2,14	Hs.161049		0,46
2100.				j			Homo sapiens,	
							clone IMAGE:3949285	
	GCGTAATGGGC	2,41	0,28	5,61	2 24	Hs.293993		0,43
2101.	333171113333		0,20	- 0,0.		110.20000	uncharacterized	0,40
							hypothalamus	
	TTTGAACCCTT	2,41	0,28	5,61	2,24	Hs.16206	protein HT0	0,43
2102.							hypothetical	
l				İ			protein	
	AAGTTGTGAAG	2,41	0,28	5,82	2 20	Hs.104788	LOC55565	0.44
2103.	AAGIIGIGAAG	2,41	0,20	5,62	2,29	HS. 104700	[Swisspro hypothetical	0,41
2.00.							gene ZD52F10	
	AATCTTGTTAA	2,41	0,28	6	6,61	Hs.32343	[Swissprot: s	0,40
2104.							Homo sapiens	
				İ			cDNA:	
		ابير		اړ	0.04	11- 440-4-	FLJ22542 fis,	
2105.	TTTTCTTAAAA	2,41	0,28	6	6,61	Hs.146747	clone H ESTs,	0,40
2105.]				Moderately	
		- 1					similar to 138022	
	AAAGAACATAG	2,41	0,28	6,05	2,34	Hs.104558		0,40
2106.							Homo sapiens,	
							Similar to	
0407	ATTTCTTCAAG	2,41	0,28	6,05	2,34	Hs.31386	stromal cell de	0,40
2107.							serine/threonine kinase 22C	
	CGCCGAGCACG	2,41	0,28	6,05	2 34	Hs.123426		0,40
2108.			0,20	0,00	2,01	110.120120	DKFZP564G092	0,40
							protein	
		1					[Swissprot:	
0.100	GAAATATTGCT	2,41	0,28	6,05	2,34	Hs.11123	sp Q9H	0,40
2109.							Sec3-like	
							[Swissprot: sp Q8WUE7;sp	
	TGATGATCATT	2,41	0,28	6,55	2.45	Hs.22394	Q96T	0,37
2110.				5,55			baculoviral IAP	0,01
							repeat-	
				·			containing 1	
0444	TTGTACAACTG	2,41	0,28	6,84	2,51	Hs.79019	[Sw	0,35
2111.							ESTs (Swigoprote	
	TAACACTGACT	2,41	0,28	6,84	2,51	Hs.13809	[Swissprot: none]	0,35
2112.			<u> </u>	5,57	<u>-,01</u>	1.10.10000	Homo sapiens	0,00
							mRNA for	
							FLJ00201	
	TTAACTGTATT	2,41	0,28	7,15	2,58	Hs.249239		0,34
2113.			ļ				fibulin 5	
	CTATGTTCTGT	2 44	0.20	715	2 50	Un 11404	[Swissprot:	0.04
2114.	CIAIGIICIGI	2,41	0,28	7,15	∠,58	Hs.11494	sp[Q9UBX5;] carboxylesterase	0,34
= 1 14.				İ			1	ļ
				ļ			(monocyte/macr	
	AAGGAGCAAGT	2,41	0,28	7,49	2,64	Hs.76688	ophage	0,32
							·	

2115.		Т			·	Ι	hypothetical	
				1			protein	
							MGC4171	
0140	GACCAGCTGCC	2,41	0,28	7,49	2,64	Hs.289015		0,32
2116.							KIAA0626 gene	
1							product [Swissprot:	
	TGATCCATCCT	2,41	0,28	7,49	2 64	Hs.178121		0,32
2117.	TOTAL COLLEGE		0,20	1,10	2,01	110:110121	hypothetical	0,02
							protein	
							DKFZp434B044	
24.15	AACAGGGGCCA	2,41	0,28	8,27	2,79	Hs.262958	*	0,29
2118.							secreted	
	TATCAATATTC	2,41	0,28	9,25	2.04	Hs.7306	frizzled-related	0.00
2119.	TATCAATATIC	2,41	0,20	9,25	2,94	I IIS.7300	protein 1 [Sw mitogen-	0,26
2110.							activated protein	
	CCCACCACATT	2,41	0,28	9,83	3,03	Hs.170610	kinase kinase	0,25
2120.				· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			tumor	
ļ	·					1	endothelial	
<u> </u>					_		marker 8	
0404	CTATAGGAGAC	2,41	0,71	10,97	7	Hs.8966	[Swissprot:	0,22
2121.							claudin 1	
	TAAGTGTGGTT	2,41	0,28	12,09	3 32	Hs.7327	[Swissprot: sp O95832;]	0,20
2122.	170101010011	-,	0,20	12,00	0,02	110.7027	growth arrest-	0,20
							specific 1	
	TACATCAGTAA	2,41	0,71	15,72	8,27	Hs.65029	[Świssprot: sp	0,15
2123.							hypothetical	
			,				protein	
	GGGTAGGGGAG	244	0.00	15 70	2.67	 	MGC16491	0.45
2124.	GGGTAGGGGAG	2,41	0,28	15,72	3,67	Hs.59771	[Swisspro reversion-	0,15
2127.							inducing-	i
							cysteine-rich	
	CTTGTTGCAAT	2,41	0,28	15,72	3,67	Hs.29640	protein	0,15
2125.							myosin	
							regulatory light	
0400	CGATGTTAAAA	2,41	0,28	17,47	3,81	Hs.20072	chain interactin	0,14
2126.							meningioma	
							expressed antigen 5	
	CAAGAGGCAAA	2,28	1,1	3,79	5 43	Hs.5734	(hyaluron	0,60
2127.	,		.,,.	0,.0	- 0,10	110.0707	sema domain,	0,00
							immunoglobulin	
	TTGAATTCCCC	2,25	0,92	1,91	1,73	Hs.171921	domain (lg),	1,18
2128.							ras-related C3	
	TATOAOTTAAT	0.55	0.55	4.55	4.00	 	botulinum toxin	
2129.	TATGACTTAAT	2,25	0,92	1,98	1,86	Hs.173737	substrate	1,14
2.129.	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·						signal	•
							recognition particle 14kD	
	TCTGTTTATCA	2,18	1,13	2,15	2.69	Hs.180394	(homolo	1,01
2130.		,		_,			low density	.,01
							lipoprotein-	
2121	CACAGAGTCCT	2,14	0,55	2,17	1,53	Hs.75140	related protein-	0,99
2131.	TTOTOATOTA			0 -0	4 ==		glucose	
1	TTGTGATGTAA	2,14	0,55	2,59	1.98	Hs.6975	phosphate	0,83

		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·					isomerase	
							[Swissprot:	
2132.							CGI-87 protein	
				ŀ			[Swissprot:	
	GAGGAACTCAA	2,14	0,55	4,28	3,41	Hs.5008	sp Q8WVT3;sp	0,50
2133.		l	1				sorting nexin 9	
·	T4044000440	0.44	0.55	4.07	0.04	11- 7005	[Swissprot:	0.44
0404	TAGAAGCCAAC	2,14	0,55	4,87	3,81	Hs.7905	sp O95061;s	0,44
2134.				1			PP2135 protein	
	GGGAAACAGGT	2,14	0,55	7,76	5,27	Un 122560	[Swissprot: sp Q8WUG3;sp	0,28
2135.	GGGAAACAGGI	2,14	0,55	7,70	5,27	П5.132309	ESTs, Weakly	0,20
2100.				1			similar to	
		1	i	ļ			ALU7_HUMAN	
	GAAAATAAAGT	2,14	0,55	8,06	5.39	Hs.111334		0,27
2136.					-,		KIAA0916	
			1				protein	•
				İ			[Swissprot:	
	TCAATAAAACC	2,14	0,55	8,06	5,39	Hs.151411	sp O75592;	0,27
2137.							caveolin 1,	
							caveolae	
							protein, 22kD	
0.100	TCCTGTAAAGG	2,09	0,78	2,34	2,37	Hs.74034	[Swi	0,89
2138.							hypothetical	
	TOTOCAATOAA	2.00	0.70	2.25	2 20	LIO 0170	protein YR-29	0.00
2139.	TCTGCAATGAA	2,09	0,78	2,35	2,39	Hs.8170	[Swissprot: proteasome	0,89
2139.							(prosome,	
							macropain)	
	TGGCTAGTGTT	2,01	0,82	2,18	2.33	Hs.118065		0,92
2140.	,		-1		-15.5		polymerase	
	GGGCGGGGGC						(DNA directed),	
	G	2,01	0,34	2,54	1,47	Hs.99890	delta 1, cata	0,79
2141.							hypothetical	
							protein	
							AL133206	
0440	TGTGGGAACCA	2,01	0,34	2,54	1,47	Hs.7750	[Swisspro	0,79
2142.			ļ				glutaredoxin	
	AACTTTCCCTC	2.04	024	200	47	LI- 20000	(thioltransferase)	0.70
2143.	AAGTTTGCCTG	2,01	0,34	2,88	1,/	Hs.28988	[Swissp	0,70
2 143.			İ				KIAA0469 gene product	
		ŀ		1			[Swissprot:	
	TCCAGAATCCT	2,01	0,34	3,2	19	Hs.7764	splQ9	0,63
2144.			- 5,5 .		1,0	110.7707	ribosomal	0,00
- ' ' ' '				j			protein S14	
	l'			ŀ			[Swissprot:	
	TAAACTGTTAA	2,01	0,34	3,49	2,07	Hs.244621	none]	0,58
2145.							complement	
ļ							component 1, q	
	AAATCAATACA	2,01	0,34	4,09	2,39	Hs.94953	subcomponent,	0,49
2146.	•						major	
1							histocompatibilit	
04.45	TTCCCTTCTTC	2,01	0,59	4,13	3,89	Hs.814	y complex, class	0,49
2147.	•						NPD002 protein	
	TACCACCAACC		ارم	400	0.40	115 7040	[Swissprot:	0.40
1	TACCAGGAACC	2,01	0,34	4,23		Hs.7010	sp Q8WXX3;sp	0,48 0,30
2148	TAAGGCCTTTC	2,01	0,34	6,72		Hs.20149	deleted in	

	1							
							lymphocytic leukemia, 1 [Swi	
2149.							fibroblast growth	
							factor receptor 3	
0450	GTGGCCAGAGG	2,01	1,03	8,52	11,99	Hs.1420	(ach	0,24
2150.							calpain small	
	тестессттт	2,01	0,34	10	10.06	Hs.55408	subunit 2	0.00
2151.	IGCIGCCIIII	2,01	0,34	10	10,06	HS.55406	[Swissprot: sp ESTs,	0,20
						:	Moderately	
						,	similar to	
	CTGGGCAGAGA	2,01	0,34	10	_10,06	Hs.200735	AF105377 1 h	0,20
2152.	·		•				glutaminyl-	
							peptide	
	TAGTTTGAAGG	2,01	0,34	10,08	4 20	Hs.79033	cyclotransferase	0.00
2153.	TACTITOAAGG	2,01	0,34	10,08	4,29	HS.79033	(glu kallikrein 5	0,20
2.00.							[Swissprot:	
	TCTCCTGGACT	2,01	0,34	12,48	4,74	Hs.50915	sp[Q9Y337;]	0,16
2154.							solute carrier	
							family 25	
0455	ATGATGATGAT	1,95	0,86	2,83	3,83	Hs.79172	(mitochondrial	0,69
2155.	1		,			i	dihydropyrimidin	
-	GAACGCCTAAT	1,93	0,64	1,78	1 3/	Hs.173381	ase-like 2 [Swissprot:	1,08
2156.	0,000001,041	1,55	0,04	1,70	1,04	118.173361	DEAD/H (Asp-	1,00
		İ					Glu-Ala-Asp/His)	,
	TGCTGTGCATA	1,91	0,9	2,78	4,08	Hs.147916		0,69
2157.							ESTs,	
							Moderately	
			-				similar to	
	ACGATTGATGA	-2	0,4	-7,4	13	Hs.74316	DESP_HUMAN	0,27
2158.	7.50,1170,110,1		0,7	7,7	1,0	113.74310	Ran GTPase	0,27
		ļ					activating	
							protein 1	
	CTTTCCCCTTT	-2	0,4	-7,4	1,3	Hs.183800		0,27
2159.							brain acyl-CoA	
	GCAACGGGCCC	-2	0,4	-7,44	1 21	Hs.8679	hydrolase	0.07
2160.	00/1/0000000		0,7	-7,44	1,51	115.0079	[Swissprot: sp centromere	0,27
							protein B (80kD)	
	CCTCTCCTCCC	-2	0,4	-7,52	1,32	Hs.85004	[Swissprot:	0,27
2161.							hypothetical	
		ľ					protein	
	TGCTGACTCCC	-2	0,4	-7,59	4:24	Un 20070	FLJ21841	0.00
2162.	TGGTGACTCCC		0,4	-1,59	1,34	Hs.29076	[Swisspro WD repeat	0,26
							domain 1	
		,					[Swissprot:	
	CTTTGATGTTC	-2	0,4	-7,63	1,35	Hs.85100	sp 07508	0,26
2163.		Ţ		T			nucleosome	
	ATCTTCAAACC	إ		7.00	4 0-	11- 0000 45	assembly protein	
2164.	ATCTTGAAAGG	-2	0,4	-7,63	1,35	Hs.302649		0,26
2 104.							calreticulin [Swissprot:	
	TCATCTTCAAC	-2	0,4	-7,63	1.35	Hs.16488	sp[P27797;]	0,26
2165.	CCTTGGTTTTG	-2	0,4	-7,9	1,41	Hs.75875	ubiquitin-	0,25

2166.								conjugating enzyme E2	
TTGCTGGAGAA -2 0,4 -7,94 1,41 Hs.133546 [Swispro Homo sapiens SNC73 protein [FLJ21120] TTGCCCCCAAGC -2 0,4 -8,17 1,46 Hs.293441 (Swispro Homo sapiens SNC73 protein [Swissprot: splQ16612;splQ ublquitin-conjugating enzyme E21 (UBC9 h ACAGTACCCA -2 0,4 -8,21 1,47 Hs.84285 (UBC9 h Protein [Swissprot: splQ26687;splQ enzyme E21 (UBC9 h ACTGCTGAACC -2 0,4 -8,32 1,5 Hs.200800 protein 3 [S CAC-1 [Swissprot: splQ969K7;splQ protein 3 [S CAC-1 [Swissprot: splQ969K7;splQ plM12]] 2172. ATTCCAATCTT -2 0,4 -8,55 1,55 Hs.343912 9lM12] (CAC-1 [Swissprot: splQ969K7;splQ plM12] (C								1 •	
TTGCTGGAGAA -2 0,4 -7,94 1,41 Hs.133546 Swisspro	2166.								
2167. CTCCCCCAAGC -2 0,4 -8,17 1,46 Hs.293441 (SNC73) protein SNC73 protein									
CTCCCCCAAGC -2 0,4 -8,17 1,46 Hs.293441 (SNC73) mRNA, P311 protein (SNC73) mRNA, P311 protein (SNC73) mRNA, P311 protein (SNC73) mRNA, P311 protein (SNC73) mRNA, P311 protein (SNC73) mRNA, P311 protein (SNC73) mRNA, P311 protein (SNc93)		TTGCTGGAGAA	-2	0,4	-7,94	1,41	Hs.133546	[Swisspro	0,25
CTCCCCCAAGC -2 0,4 -8,17 1,46 Hs.293441 (SNC73) mRNA, P311 protein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl21 fortein (Swissprot: spl22 fortein (2167.								
2168. ACAAGTACCCA -2 0,4 -8,17 1,46 Hs.142827 Swissprot: splCle612;splQ ublquitin-conjugating enzyme E2l (UBC9 h Secretory carrier membrane protein 3 [S CAC-1 Swissprot: splCle69K7;splQ 2170. ATGCGGGAGAA -2 0,4 -8,32 1,5 Hs.200600 Ft. SplCle69K7;splQ 2172. ATTCCAATCTT -2 0,4 -8,55 1,55 Hs.343912 9UM12;] clathrin, heavy polypeptide (Hc) (Importin) beta 1 GGCAACAAAAAG -2 0,4 -9,01 1,64 Hs.180446 Swissprot: splCle64J012 3 protein Swissprot: splCle64		CTCCCCCAAGC	-2	0,4	-8,17	1.46	Hs.293441		0,24
ACAGTACCCA -2 0,4 -8,17 1,46 Hs.142827 sp Q16612;sp Q ublquitin-conjugating enzyme E2 (UBC9 h Secretory carrier membrane protein 3 S Secretory carrier membrane protein 3 S CAC-1 Swissprot: sp Q969K7;sp Q 9UM12; CITTCCACTCTT -2 0,4 -8,55 1,55 Hs.200600 Protein 3 S CAC-1 Swissprot: sp Q969K7;sp Q Swissprot: sp Q969K7;sp Q Swiss Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swissprot Cathrin, heavy polypeptide (Hc) Swiss	2168.							P311 protein	
2169.		ACAAGTACCCA		0.4	0 17	1 46	 Lo 140007		0.04
CTTCTCACCGT -2 0,4 -8,21 1,47 Hs.84285 (UBC) h secretory carrier membrane nortein 3 S CAC-1 [Swissprot: sp Q969K7;sp Q Margorian Swissprot: splQ969K7;sp Q Margorian M	2169.	NOAGOTAGOGA		0,4	-0,17	1,40	I I I S. 142027		0,24
CTTCTCACCGT								conjugating	
2170.		CTTCTCACCGT	-2	0.4	-8 21	1 47	He 84285		0.24
ACTGCTGAACC -2 0,4 -8,32 1,5 Hs.200600 protein 3 [S CAC-1 [Swissprot: sp Q969K7;sp Q QuM12;]	2170.	01101040001		0,4	-0,21	1,47	HS.04205		0,24
CAC-1 Swissprot: sp Q969K7;sp Q Q172. ATTCCAATCTT								membrane	
ATGCGGGAGAA -2 0,4 -8,55 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 1,55 Hs.343912 9UM12; 1,55 1,55 Hs.343912	2171	ACTGCTGAACC	-2	0,4	-8,32	1,5	Hs.200600		0,24
ATGCGGGAGAA -2 0,4 -8,55 1,55 Hs.343912 9UM12;] Cathrin, heavy polypeptide (Hc) (Exist) (Importin) beta 1 (Importin) bet	2171.								
2172.		.=						splQ969K7;splQ	
ATTCCAATCTT -2 0,4 -8,59 1,55 Hs.178710 [Swiss Composition Compositi	2172	ATGCGGGAGAA	-2	0,4	-8,55	1,55	Hs.343912		0,23
ATTCCAATCTT -2 0,4 -8,59 1,55 Hs.178710 [Swiss	21/2.								
GGCAACAAAAG -2 0,4 -9,01 1,64 Hs.180446 [Swisspro 0] 2174. AAGGCCGAGTA -2 0,4 -9,24 1,69 Hs.31387 splQ9 (2175. GCTGGTGCCTG -2 0,4 -9,5 1,75 Hs.125359 [Swissprot: splQ9 0] 2176. ACGGTGATGTC -2 0,4 -9,58 1,77 Hs.343443 splQ9 (2177. TTATGGGGAGG -2 0,4 -10,08 1,87 Hs.75612 1 (Hsp70/H 0) 2178. CTGGGACTGAC -2 0,4 -10,46 1,96 Hs.76719 like protein [Sw 0] AACGCTGCCTG -2 0,4 -10,91 2,05 Hs.28914 ansferase [Swis 0] 2180.		ATTCCAATCTT	-2	0,4	-8,59	1,55	Hs.178710	[Swiss	0,23
Carrier Carr	2173.								
DKFZP564J012 3 protein Swissprot: sp Q9 0 2175. Thy-1 cell surface antigen GCTGGTGCCTG -2 0,4 -9,5 1,75 Hs.125359 Swissprot: sp Q9 0 2176. Thy-1 cell surface antigen Forein L36 Swissprot: sp Q9 0 0 0 0 0 0 0 0 0		GGCAACAAAAG	-2	0,4	-9,01	1.64	Hs.180446	(Importin) beta 1 (Swisspro	0,22
AAGGCCGAGTA -2 0,4 -9,24 1,69 Hs.31387 sp Q9 (2175.	2174.							DKFZP564J012	
AAGGCCGAGTA									
2175.		AAGGCCGAGTA	-2	0.4	-9.24	1.69	Hs.31387		0,22
CTGGTGCCTG -2 0,4 -9,5 1,75 Hs.125359 Swissprot: (2176.	2175.	-					.,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	Thy-1 cell	U,LL
2176. ribosomal protein L36 Swissprot: sp Q9 (2177. stress-induced-phosphoprotein TTATGGGGAGG		GCTGGTGCCTG	2	0.4	0.5	4 75	115 405050		0.04
ACGGTGATGTC -2 0,4 -9,58 1,77 Hs.343443 sp Q9 (2177. TTATGGGGAGG -2 0,4 -10,08 1,87 Hs.75612 1 (Hsp70/H (2178. CTGGGACTGAC -2 0,4 -10,46 1,96 Hs.76719 like protein [Sw (2179. AACGCTGCCTG -2 0,4 -10,91 2,05 Hs.28914 ansferase [Swis serine (or	2176.	GCTGGTGCCTG	-2	0,4	-9,5	1,/5	HS.125359		0,21
ACGGTGATGTC -2 0,4 -9,58 1,77 Hs.343443 sp Q9 (2177. stress-induced-phosphoprotein TTATGGGGAGG -2 0,4 -10,08 1,87 Hs.75612 1 (Hsp70/H (2178. CTGGGACTGAC -2 0,4 -10,46 1,96 Hs.76719 like protein [Sw 2179. AACGCTGCCTG -2 0,4 -10,91 2,05 Hs.28914 ansferase [Swis 32180. serine (or								protein L36	
2177. Stress-induced-phosphoprotein TTATGGGGAGG -2 0,4 -10,08 1,87 Hs.75612 1 (Hsp70/H 0) (Hsp70/H 0)		ACGGTGATGTC	2	0.4	0.59	4 77	LID 242442		0.04
TTATGGGGAGG -2 0,4 -10,08 1,87 Hs.75612 phosphoprotein 1 (Hsp70/H (197	2177.	ACCOTGATGTC	-2	0,4	-9,56	1,//	HS.343443		0,21
2178. CTGGGACTGAC -2 0,4 -10,46 1,96 Hs.76719 like protein [Sw adenine phosphoribosyltr ansferase [Swis 2180.]									
CTGGGACTGAC	2170	TTATGGGGAGG	-2	0,4	-10,08	1,87	Hs.75612		0,20
CTGGGACTGAC -2 0,4 -10,46 1,96 Hs.76719 like protein [Sw C 2179.	21/0.								
2179. adenine phosphoribosyltr ansferase [Swis (2180. serine (or		CTGGGACTGAC	-2	0,4	-10,46	1,96	Hs.76719		0,19
AACGCTGCCTG -2 0,4 -10,91 2,05 Hs.28914 ansferase [Swis 0]	2179.							adenine	
2180. serine (or		AACGCTGCCTG	-2	0.4	-10.91	2.05	Hs.28914		0,18
	2180.					_,00		serine (or	U, 1U
								cysteine)	
GGTTATTTTGG -2 0,4 -11,22 2,12 Hs.82085 inhibito (GGTTATTTTGG	-2	0.4	-11.22	2.12	Hs.82085		0,18
2181. 1,22 2,12 13.32003 millistic 2181.	2181.			<u> </u>	,	,	. 10.02000		0, 10
protein NMP200		GGAACCCATCT			ام میرا		11. 480	protein NMP200	_
	2182								0,17
2182. GGCGCCTCCTT -2 0,4 -11,91 2,27 Hs.77290 transaldolase 1 0		0000010011	-2	0,4	-11,91		<u>пs.//290</u>	u ansaluolase 1	0,17

0400							sp P37837;s	
2183.							hypothetical	
							protein MGC2803	
	GCCTGGGACTC	-2	0.4	-12,06	23	Hs.239894		0,17
2184.	33010007.010			12,00		110.200004	tropomyosin 1	0,17
		-					(alpha)	
							[Swissprot:	
0405	AAAGTCATTGA	-2	0,4	-12,71	2,44	Hs.77899	sp O1	0,16
2185.							actinin, alpha 1	
	TCCTTCTCCAC	-2	0,4	-13,43	. 2 6	La 110000	[Swissprot:	0.45
2186.	10011010040		0,4	- 13,43	2,0	1113.119000	sp P12814; ATPase, H+	0,15
-100.		-					transporting,	
	TTTGGGGCTGG	2	0,4	-14,2	2,76	Hs.7476	lysosomal (vacu	0,14
2187.			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·				HMT1 hnRNP	
		_ 1					methyltransferas	
0400	CGGCCCAACGC	-2	0,4	-14,39	2,8	Hs.20521	e-like 2 (S.	0,14
2188.							serologically	
ļ	CGGACTCACTG	-2	0,4	-15,99	3 15	Hs.84700	defined colon cancer antig	0,13
2189.	000,1010,1010		0,4	10,00	0,10	1113.047.00	NADH	0,13
							dehydrogenase	
		,					(ubiquinone) 1	
	CCCGACGTGCC	-2	0,4	-16,26	3,2	Hs.198269		0,12
2190.							pM5 protein	
							[Swissprot:	
	GCGGGGTACCC	-2	0.4	-16,68	3 20	Hs.322466	sp Q15155;sp Q 9	0.40
2191.	000000171000		0,4	-10,00	5,23	113.522400	protein kinase C	0,12
							substrate 80K-H	ļ
	AAGCCAGCCCC	-2	0,4	-16,91	3,34	Hs.1432	[Swiss	0,12
2192.							filamin A, alpha	
	CCCCAACCACC	0.07	٥.	4.07	0.00	40=404	(actin binding	
2193.	GCCCAAGGACC	-2,07	0,5	-4,37	2,69	Hs.195464		0,47
2195.							endothelial differentiation-	
	ACAGGGTGACC	-2,07	0,5	-4,88	3.22	Hs.174050		0,42
2194.							eukaryotic	
l							translation	İ
0405	GTGACAGAAGA	-2,24	0,84	-4,33	4,35	Hs.129673	initiation factor	0,52
2195.							aldolase A,	
							fructose-	
	GCGACCGTCAC	-2,24	0,84	-11,57	17.86	Hs.273415	bisphosphate [Swis	0,19
2196.			0,01	11,01	11,00	110.210-10	proteasome	0,19
							(prosome,	
	ŀ							
							macropain)	
0.15=	ATCAGTGGCTT	-2,49	0,53	-4,86	2,14	Hs.89545	subunit,	0,51
2197.	ATCAGTGGCTT	-2,49	0,53	-4,86	2,14	Hs.89545	subunit, amyloid beta	0,51
2197.					_		subunit, amyloid beta (A4) precursor-	
	ATCAGTGGCTT TCTCTACCCAC	-2,49 -2,49	0,53	-4,86 -5,6	_	Hs.89545 Hs.279518	subunit, amyloid beta (A4) precursor- like protein	0,51
2197. 2198.					_		subunit, amyloid beta (A4) precursor- like protein similar to	
2198.					2,66	Hs.279518	subunit, amyloid beta (A4) precursor- like protein similar to glucosamine-6-	0,44
	TCTCTACCCAC	-2,49	0,53	-5,6	2,66		subunit, amyloid beta (A4) precursor- like protein similar to	

							[Swissprot: sp Q	
2200.							eukaryotic	
1					1		translation	
	CAGCCCAACCG	-2,49	0,33	-5,99	1,45	Hs.28081	initiation factor	0,42
2201.							lymphocyte	
							antigen 6	
]	CACTTCAACCC	0.40	0.50	0.40			complex, locus E	
2202.	CACTTCAAGGG	-2,49	0,53	-6,42	3,26	Hs.77667	DKEZ-5041457	0,39
2202.					1		DKFZp564J157 protein	
							Swissprot:	
	GCCTGGCCATC	-2,49	0,33	-6,66	1.69	Hs.63042	sp Q9B	0,37
2203.					.,,,,,	7.0.00012	cyclin-	0,07
							dependent	,
					Ì		kinase inhibitor	
2004	TGTCCTGGTTC	-2,49	0,33	-6,81	1,75	Hs.179665		0,37
2204.							SRp25 nuclear	
							protein	
	ACCAAGGAGGA	-2,49	0,33	-6,98	1 22	Hs.103561	[Swissprot:	0.00
2205.	7.007 V.OOAOOA		0,55	-0,36	1,02	118.103301	sp Q9 coated vesicle	0,36
					:		membrane	
	CCAAGTTTTTT	-2,49	0,33	-7,35	1.95	Hs.75914	protein [Swissp	0,34
2206.							NPD007 protein	
							[Swissprot:	
	TTGTCTGCCTT	-2,49	0,33	-7,94	2,18	Hs.7788	sp Q9H5W6;sp	0,31
2207.							GDP	
							dissociation	
	CCTTTCCTTTA	-2,49	0,33	-8,32	2 22	Hs.74576	inhibitor 1	0.00
2208.	OOTTIOOTTIA	-2,43	0,55	-0,32	2,32	ПS./45/6	[Swissprot Homo sapiens	0,30
							cDNA FLJ32960	
1	TGGGAAGTGGG	-2,49	0,33	-9,87	2.92	Hs.112844	fis, clone TE	0,25
2209.				,			tyrosine 3-	0,20
							monooxygenase	
	ATCTTTCTGGC	-2,49	0,33	-10,19	3,05	Hs.75103	/tryptophan 5-mo	0,24
2210.		ļ					macrophage	,
	144000000044		0.50	00.05	44-	=	migration	
2211.	AACGCGGCCAA	-2,49	0,53	-20,85	14,7	Hs.73798	inhibitory factor (0,12
2211.							MYC-associated	'
	TACCCCACCCT	-2,9	0,94	-3,19	154	Hs.7647	zinc finger	0.04
L	17.00007.0001	-2,3	0,34	-3,19	1,04	115.7047	protein (puri	0,91

PCT/EP2003/014068

Tabelle 10:

WO 2004/059001

Nr.	Tag-Sequenz	Face/	Sign.	Face/	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient
	:	Breast		CGAP				(Face/
								Breast) / (Face/
			5					CGAP)
2212.				-			eukaryotic	, , , ,
	AACTCTTGAAG	2.05	104	4 47	0.24	110 50400	translation	0.50
2213.	AACICIIGAAG	2,95	1,04	1,17	0,31	Hs.58189	initiation factor hypothetical	2,52
22 10.			1		•		protein	
,						:	FLJ20568	
	GGAAGGGAGGC	2,81	0,68	1,04	0,14	Hs.279581	[Swisspro	2,70
2214.							amplified in	
						1	osteosarcoma	
0045	TTCTTGAACAA	2,81	0,68	1,41	0,57	Hs.76228	[Swissprot: s	1,99
2215.							splicing factor,	
	AGACAAGCTGG	2,81	0,68	1,47	0.65	Hs.166975	arginine/serine- rich 5	1 01
2216.	AOAOAAOCTOG	2,01	0,00	1,44	0,00	118.100975	ancient	1,91
		· .			ŀ		ubiquitous	
l .						_	protein 1	
	GTTTTCATTCA	2,81	0,68	1,53	0,72	Hs.173736		1,84
2217.	,						destrin (actin	
							depolymerizing	
	ATGACACTCAC	2,81	0,68	1,57	0,76	Hs.82306	factor) [1,79
2218.					İ		Homo sapiens,	
							clone	
	ATGGCAAGGGA	2,68	0,87	1,12	0.24	Hs.295362	IMAGE:4154219 , mRNA,	2,39
2219.	7.1100071100071	2,00	0,07	1,12	0,24	113.230002	NADH	2,08
							dehydrogenase	
							(ubiquinone) Fe-	
	TGGATCCTAGA	2,68	0,87	1,56	0,89	Hs.5273	S pro	1,72
2220.							hypothetical	
							protein	
	GAAACCGAGGG	2,61	1,05	1,22	0.44	Un 070042	HSPC014	0.44
2221.	GAAACCGAGGG	2,01	1,00	1,22	0,41	Hs.279813	[Swissprot mitochondrial	2,14
							carrier homolog	
	GTAAGATTTGA	2,61	1,05	1,58	1,06	Hs.279939		1,65
2222.							hypothetical	
							protein	
	07000710010			,			FLJ22195	
2000	GTGCCTAGGAG	2,41	0,28	1	0,15	Hs.25999	[Swisspro	2,41
2223.							chromosome 14	
	ттттствствв	2,41	0,51	1,05	0.15	Hs.204041	open reading frame 3 [Swi	2,30
2224.		2,71	0,01	1,00	0,10	1 13,204041	HSPC160	2,30
							protein	
							[Swissprot:	
	GGGAAGGCACT	2,41	0,28	1,06	0,19	Hs.13144	sp Q9P004;]	2,27
2225.							cell division	
	TOTOAATTOTT			4.00			cycle 42 (GTP	
2226	TCTCAATTCTT	2,41	0,51	1,06			binding prot	2;27
2226.	GTAGCATAAAA	2,41	0,51	1,08	0,18	Hs.183842	ubiquitin B	2,23

							[Swissprot:	
		l					sp[Q9BWD6;]	
2227.							hypothetical	
		*					protein	
							LOC51234	
	GTGGGGTGACA	2,41	0,28	1,1	0.23	Hs.250905	1	2,19
2228.			0,20	- ','	<u> </u>	7,10,120000	hypothetical	
							protein	
	i						MGC14327	
	AGAACCTTTGC	2,41	0,28	1,11	0.23	Hs.231029		2,17
2229.	7.071.0011100	_,-,-,	0,20	-,,,,	0,20	113.201020	Rho GTPase	2,17
2220.							activating	
							protein 1	
	TATTTCACCGT	2,41	0,28	1,12	0.24	Hs.138860		2,15
2230.	TATTTOAGGGT:	۷,7۱	0,20	1,12	0,24	1 13. 130000	CGI-81 protein	2,10
2230.							[Swissprot:	
	CTAATAAACTT	2 44	0,28	1,13	0.25	Ua 270592	sp Q9BWJ7;sp	. 0.40
2024	CTAATAAACTT	2,41	0,20	1,13	∪,∠ɔ	HS.279303		2,13
2231.							proteasome	
1							(prosome,	=
	00000400T40	0.44	0.00		0.00	11- 70400	macropain) 26S	0.40
	GCCCCAGGTAG	2,41	0,28	1,15	0,26	Hs.78466	subu	2,10
2232.							actin, gamma 2,	
			0.00	ا مد ا			smooth muscle,	
2000	AAACATTAAAA	2,41	0,28	1,16	0,27	Hs.78045	enteric	2,08
2233.							mitogen-	
			0.00			l.,	activated protein	
	ATAGCTGGGGC	2,41	0,28	1,18	0,29	Hs.3446	kinase kinase	2,04
2234.		•					mitochondrial	
						į	ribosomal	
	TGGTGCAGCAT	2,41	0,28	1,19	0,3	Hs.71787	protein S7 [Swi	2,03
2235.						ŀ	acid cluster	
							protein 33	
	GCCACTACCCC	2,41	0,28	1,19	0,3	Hs.71475	[Swissprot: sp	2,03
2236.							emopamil	
	·						binding protein	
	GGCAGGCACAA	2,41	0,28	1,23	0,33	Hs.75105	(sterol isomera	1,96
2237.							F-box protein	
							FBX30	
							[Swissprot:	
	CAGCCAAATAA	2,41	0,28	1,23	0,33	Hs.321687		1,96
2238.							syntaxin 5A	
	ļ						[Swissprot:	
							sp[Q13190;sp Q	
	TGAGGCAGGGA	2,41	0,28	1,24	0,33	Hs.302300	9	1,94
2239.							serine/threonine	
							kinase 25	
	ATGGCCATAGA	2,41	0,28	1,24	0,33	Hs.155206		1,94
2240.							splicing factor,	
							arginine/serine-	
	CTGTCATTTGT	2,41	0,51	1,25	-0,37	Hs.167460		1,93
2241.							sorting nexin 1	
							[Swissprot:	
	AAAAGGTTATG	2,41	0,28	1,28	0,37	Hs.75283	sp[Q13596;]	1,88
2242.				, <u> </u>			WW domain-	.,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,
	,					1	containing	
							adapter with a	
	TAAACCTGTCT	2,41	0,28	1,28	0.37	Hs.70333	coil	1,88
								,
2243.		2,41	0,28		0,37		nuclear factor	1,87

			1			<u> </u>	(erythroid-	
					:		derived 2)-lik	
2244.							CD164 antigen,	
							sialomucin	
	TTTATTGAAAA	2,41	0,28	1,29	0,37	Hs.43910	[Swissprot: s	1,87
2245.					·		CGI-147 protein	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
							[Swissprot:	
	TTCAAAAAAA	2,41	0,28	1,29	0,37	Hs.12677	sp Q96ME4;s	1,87
2246.							complement	
							component 1, q	
	CTCTAAGAAGC	2,41	0,51	1,3	0,42	Hs.9641	subcomponent,	1,85
2247.		4					Homo sapiens	
							cDNA:	
	CCTGGATAAAT	2,41	0,28	1,33	0.44	Hs.181634	FLJ23602 fis,	4.04
2248.	COTGGATAAAT	2,41	0,20	1,331	0,41	П5.101034	clone L sorting nexin 17	1,81
2240.								
	GGCCAAAGGCC	2,41	0,51	1,36	0.48	Hs.278569		1,77
2249.	0.000,22,0000		0,01	1,00	0,70	110.270000	hyaluronoglucos	1,11
		İ					aminidase 2	
:	TAGGACCCTGC	2,41	0,28	1,38	0,44	Hs.76873	[Swissprot:	1,75
2250.							ribosomal	
			1				protein L23a	
	GCAGACTCAGT	2,41	0,51	1,4	0,54	Hs.184776	[Swissprot: sp P	1,72
2251.							DKFZP566C042	
							4 protein	
							[Swissprot:	
0050	TTTTAAACTTG	2,41	0,28	1,4	0,46	Hs.226770		1,72
2252.				-			phosphatidylinos	
	TTACGATGAAT	2,41	0,28	1,43	0.40	Ua 6225	itol-4-phosphate	4.00
2253.	TIACGATGAAT	2,41	0,20	1,43	0,46	Hs.6335	5-kinas	1,69
2233.							accessory proteins	
1			İ				BAP31/BAP29	
	GTGTGTAAAAA	2,41	0,51	1,45	0.59	Hs.291904		1,66
2254.		,,,			,		60S ribosomal	1,00
							protein L30	
	GCTAGTGATGT	2,41	0,28	1,47	0,51	Hs.284162		1,64
2255.							chromosome 11	
							open reading	
	TGTGTGCCACT	2,41	0,28	1,48	0,52	Hs.72925	frame 13 [Sw	1,63
2256.							Cdc42 effector	
	ATATTOTO			4.50	0.55		protein 4; binder	
2257	ATATTGTCAAA	2,41	0,28	1,53	0,55	Hs.3903	of Rho	1,58
2257.							syndecan	
	TAAGCATTAAA	2,41	0,28	1,56	0,57	Hs.8180	binding protein (syntenin) [Sw	1 = 1
2258.		2,41	0,20	1,001	0,57	H8.0100	ESTs,	1,54
					,		Moderately	
*** ***			,				similar to	
				-			UBC6_HUMAN	
L_	CTCCTGAAGGC	2,41	0,28	1,59	0,59	Hs.4890	U	1,52
2259.					1 = -		ret finger protein	.,02
1						_	[Swissprot:	
	CAGATTGTGAA	2,41	0,28	1,6	0,6	Hs.142653		1,51
2260.				T			CGI-92 protein	
				- 1		l	[Swissprot:	1
	CTGGGATGTCG	2,41	0,28	1,64		Hs.20159	splQ96EW4;sp	1,47

2261.		1				Γ	enhrin A4	
<u>.</u> 201.		ļ					ephrin-A1 [Swissprot:	
	TGTACATTCTG	2,41	0,28	1,64	0.62	Hs.1624	sp P20827;]	1,47
2262.		-,		.,01	0,02	. 10. 102	UDP-glucose	1,41
_•		1					pyrophosphoryla	
	GTGACAGAATT	2,41	0,28	1,65	0.64	Hs.77837	se 2 [Swissp	1,46
2263.				,	-,		ring-box 1	1,10
							[Swissprot:	
	CTTTTCACTTC	2,41	0,28	1,65	0,64	Hs.279919	sp[Q9Y254;]	1,46
2264.	,						glutathione	
							transferase zeta	
	TGGGGTGGAGT	2,41	0,28	1,65	0,64	Hs.26403	1 (maleylac	1,46
2265.							similar to rat	•
				ł			tricarboxylate	
	ACCTCTGGCTT	2,41	0,28	1,67	0,65	Hs.283844		1,44
2266.							Homo sapiens	
]				1	cDNA FLJ20167	
	CACATCTCTGA	2,41	0,28	1,67	0,65	Hs.10248	fis, clone CO	1,44
2267.		Т		T			nuclear factor of	
							kappa light	
	GACTTGTATAT	2,41	0,28	1,71	0,67	Hs.81328	polypeptid	1,41
2268.							hypothetical	
		l					protein	
			_ [MGC15737	
	GTACATTGTAA	2,41	0,28	1,71	0,67	Hs.39122	[Swisspro	1,41
2269.				1			calnexin	
					_		[Swissprot:	
2072	TAACAGTTGTG	2,41	0,28	1,71	0,67	Hs.155560		1,41
270.				į			hypothetical	
		ĺ					protein	
	CCCAAACTTTO	اير	000	امحد	0.00	11- 400 400	BC013764	
271.	CCCAAACTTTG	2,41	0,28	1,73	0,68	Hs.109438		1,39
.211.		. [l				hypothetical	
			İ	-			protein	
	TTGAAGTGGTT	2,41	0,28	4 77	0.74	Un 470070	FLJ10154	, , ,
272.	110/4010011	2,41	U,Z8	1,77	0,77	Hs.179972		1,36
.Z1Z.							hypothetical	
	,			1			protein BC011982	
	тесстетеесс	2,41	0,28	1,79	0.72	Hs.7678	[Swisspro	4 25
2273.		-,-,	0,20	1,13	0,12	1 19.1 01 0	poly(rC) binding	1,35
		ł					protein 2	
	TGGGTTTTAAA	2,41	0,28	1,87	0.78	Hs.63525	[Swissprot:	1,29
2274.		-,	<u> </u>	- ',5'	0,70	1 10.00020	glioblastoma	1,23
		l	İ				amplified	
							sequence	
	TGAATGATTTT	2,41	0,28	1,87	0.78	Hs.152707	[Swissp	1,29
2275.			-,=0	.,0.	5,75	1.10.102/01	Homo sapiens	1,23
•			l		į		cDNA:	
			.	.			FLJ21913 fis,	
	AATACTTAAAT	2,41	0,28	1,89	0.79	Hs.288908		1,28
276.			-,		-,,,		KIAA0830	1,20
- •			ŀ				protein	
			l				[Swissprot:	
	GAAATTAGGGA	2,41	0,28	1,89	0.79	Hs.167115	sp O94919;	1,28
2277.					,. 0		TAF11 RNA	- 1,20
				1			polymerase II,	
	AAGGATGCGGT	2,41	0,28	1,94	0.82	Hs.83126	TATA box bindin	1,24
				- / 1	-,			

PCT/EP2003/014068

WO 2004/059001

163

2278.						 	almailan ta	ı
2270.	İ	İ					similar to envelope protein	
	тевесстетет	2,41	0,28	1,97	0.83	Hs.132055		1,22
2279.	10000010101	2,71	0,20	1,01	0,00	113.132000	protein tyrosine	1,22
2270.							kinase 2 beta	
	TGTTTGCATAA	2,41	0,28	1,99	0.85	Hs.20313	[Swisspr	1,21
2280.	1011100/1/1/1	2,71	0,20	1,00	0,00	113.20010	nuclear	1,21
2200.		i				•	localization	
							signal deleted in	
	CTGTTAATAAA	2,41	0,28	1,99	0.85	Hs.19500	v	1,21
2281.			0,20	1,00	0,00	110.10000	hypothetical	1,21
							protein	
	,						MGC5508	
	ATGTGAAGAAT	2,41	0,28	1,99	0.85	Hs.13662	[Swissprot	1,21
2282.		,	0,20	1,00	0,00	110110002	chromosome 14	1,41
							open reading	
	CAATCAGAATC	2,41	0,28	1,99	0.85	Hs.109052		1,21
2283.				.,,	5,55		mitochondrial	.,,
							ribosomal	
	AATTCCCGTCC	2,41	0,28	2,02	0.86	Hs.18349	protein L15 [Sw	1,19
2284.		•		•			BTB (POZ)	.,
							domain	
ŀ	'						containing 3	
	TTAAATGCAAA	2,41	0,28	2,04	0,88	Hs.7935	[Swisspro	1,18
2285.							zinc finger,	
							DHHC domain	
	ACAGCGTCTGC	2,41	0,28	2,04	0,88	Hs.63128	containing 8 [1,18
2286.							ATPase, H+	
							transporting,	
	GGAGCCATTCT	2,41	0,51	2,08	1,22	Hs.272630	lysosomal (vacu	1,16
2287.							acyl-Coenzyme	
		ŀ					A oxidase 1,	
	GAGGGTTCCAG	2,41	0,28	2,1	0,91	Hs.100009	palmitoyl [S	1,15
2288.		<u> </u>					ESTs	
1							[Swissprot:	
	GAAAAGTTGCC	2,41	0,28	2,15	0,94	Hs.33122	none]	1,12
2289.	.'						macrophage	
							erythroblast	
	CGAATAAAATG	2,41	0,28	2,15	0,94	Hs.20815	attacher [Swiss	1,12
2290.							lanosterol	
							synthase (2,3-	
	GTCAGACTGTA	2,41	0,28	2,18	0,96	Hs.93199	oxidosqualene-I	1,11
2291.							KIAA0677 gene	
		İ					product	
	04400070446		0.00				[Swissprot:	
0000	GAACGCTGAAG	2,41	0,28	2,25	1	Hs.155983	sp O7	1,07
2292.							hypothetical	
							protein	ļ .
	CACATTITICO		0.00	. 0 00		0000	FLJ10769	
2202	GACATTTTCC	2,41	0,28	2,28	1,01	Hs.8083	[Swisspro	1,06
2293.							HCCA2 protein	
	GTGCAGTCCTC	244	0.00	2 24	4.00	LID 40000	[Swissprot:	الما
2294.	GTGCAGTCCTC	2,41	0,28	2,31	1,03	Hs.19223	sp Q96JE6;sp	1,04
2294.							prolyl	
							endopeptidase	
	GAGAAGACTTC	2/1	0.20	2 25	1 OF	Un 06070	[Swissprot:	4 00
2295.		2,41	0,28	2,35		Hs.86978	sp P48	1,03
2293.	TAAATAAAGCA	2,41	0,28	2,38	1,07	Hs.214783	Homo sapiens	1,01

164

	, , , , , , , , , , , , , , , , , , , 							
				ł			cDNA FLJ14041	
2296.							fis, clone HE	
2290.							hypothetical protein,	
				l			estradiol-	
	GGCATCAGGGG	2,41	0,28	2,42	1 09	Hs.8361	induced	1,00
2297.	330/110/13000		0,20		1,00	110.0001	hypothetical	1,00
							protein	
							FLJ13352	
	GCAGTGCCACT	2,41	0,28	2,42	1,09	Hs.22972	[Swisspro	1,00
2298.							ESTs, Weakly	-
			-				similar to	
	AGCCACCACAG	2,41	0,28	2,46	1,11	Hs.179833		0,98
2299.							hypothetical	•
				l			protein	
	ATATOMATOTO	244		ا م	4.40		FLJ20312	
2200	ATATGAATGTG	2,41	0,28	2,5	1,13	Hs.7862	[Swisspro	0,96
2300.		·					sterol-C4-methyl oxidase-like	
	GATTGAACCTC	2,41	0,28	2,5	1 12	Hs.239926		0,96
2301.	OATTOAACCTC	2,71	0,20	2,5	1,10	118.239920	Rho GTPase	0,90
2001.							activating	
							protein 8	
	GGGATGGAAGG	2,41	0,28	2,54	1.15	Hs.102336		0,95
2302.							ESTs	
							[Swissprot:	
	CAAATAAACTT	2,41	0,28	2,58	1,17	Hs.25978	none]	0,93
2303.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
							DKFZp761A061	
0001	GGTCCAAATTA	2,41	0,28	2,71	1,24	Hs.325495		0,89
2304.							predicted	
							osteoblast	
	TGTATTTTGAC	2,41	0,28	2,71	1 2/	Hs.29882	protein [Swissprot	0.00
2305.	IGIAITIIGAC	2,41	0,20	2,11	1,24	F15.29002	HLA-B	0,89
2505.							associated	
				-			transcript 5	
	AATGGATTATT	2,41	0,28	2,71	1.24	Hs.247452		0,89
2306.							colony	
							stimulating factor	
	TGGCTGGCCAC	2,41	0,28	2,71	1,24	Hs.174142	1 receptor, fo	0,89
2307.							KIAA0015 gene	
							product	
				- 1			[Swissprot:	
	CAGAAGTGTCA	2,41	0,28	2,76	1,26	Hs.278441		0,87
2308.				1			nuclear	
]			transcription	
	AAATGCAATAA	244	0.00	204	4.00	115 460457	factor Y, gamma	0.00
2309.	AAATGCAATAA	2,41	0,28	2,81	ای∠8	Hs.168157		0,86
∠ ასყ.							Homo sapiens, clone MGC:8772	
	TTACCTCCTTC	2,28	1,1	1,07	0.47	Hs.3343	IMAGE:38628	0.40
2310.	11/00100110	ے,20	1,1	1,07	0,17	1 13.0040	ubiquinol-	2,13
2010.							cytochrome c	
				ŀ			reductase	
	CTCAGGAAATA	2,21	0,74	1,13	0.25	Hs.284292		1,96
2311.	TGGAATGCTGG	2,14	0,95	1,55		Hs.7744	NADH	1,38

•	ACCCACCTGTG	-2	0,4	-0,23	0	Hs.8736	mRNA; cDNA	8,70
2328.	AGCCTTTGTTG	-1,99	0,65	-1,53	0,35	Hs.9930	inhibito Homo sapiens	1,30
2327.							serine (or cysteine) proteinase	
	GCTTAACCTGG	1,93	0,64	1,56	0,97	Hs.77508	glutamate dehydrogenase 1 [Swissprot: s	1,24
2326.	TGATAATTCAA	1,93	0,64	1,05	0,14	Hs.171625		1,84
2324.	GATGAGTCTCG	1,93	0,64	1,05	0,14	Hs.233952	proteasome (prosome, macropain) subunit,	1,84
2324.	CAGGGAGCGCC	2,01	0,34	2,3	1,29	Hs.8657	cofactor 2, multiprotein c	0,87
2322. 2323.	ACGACAAAGCT	2,01	0,34	1,97	1,02	Hs.83920	peptidylglycine alpha-amidating monooxyg PC2 (positive	1,02
2321.	TGCGGAGGCCC	2,01	0,34	1,74	0,82	Hs.25723	Sjogren's syndrome/sclero derma autoantig	1,16
2320.	GAAAAGCCTTC	2,01	0,34	1,67	0,76	Hs.78619	gamma-glutamyl hydrolase (conjugase, fol	1,20
2319.	тттеетсттт	2,01	0,34	1,64	0,73	Hs.109773		1,23
2318.	тететтттет	2,01	0,34	1,46	0,57	Hs.119529		1,38
	GCCGCTTCTAG	2,01	0,34	1,39	0,5	Hs.75813	polycystic kidney disease 1 (autosomal d	1,45
2316. 2317.	TTCATTGTAGA	2,01	0,34	1,35	0,46	Hs.6527	G protein- coupled receptor 56 [Swisspro	1,49
2315.	ТТААТССТААА	2,01	0,34	1,35	0,46	Hs.150741	SON DNA binding protein [Swissprot: sp]	1,49
2314.	GCACAGGCCAG	2,01	0,34	1,05	0,16	Hs.91481	NEU1 protein [Swissprot: sp Q96EG0;sp Q	1,91
2313.	CAATAAACTGA	2,11	1,16	1,4	1		putative translation initiation factor	1,51
2312.	AAGTTGCTATT	2,11	1,16	1,19	0.45	Hs.78575	flavopro prosaposin (variant Gaucher disease and	1,77
							dehydrogenase (ubiquinone)	

166

····							DKFZp564H203	
		1					(fr	
2329.							Homo sapiens,	
							Similar to RNA	
	AGCCATTGTGT	-2	0,4	-0,23	0	Hs.74170	helicase-re	8,70
2330.			-,,				EST [Swissprot:	
	AGGTCGAGGCT	-2	0,4	-0,23	0	Hs.270125		8,70
2331.			, -,			1,70,21,2,122	ESTs, Highly	
,		ŀ					similar to	
							T09222 exocyst	
	ACACGTACTAT	-2	0,4	-0,23	0	Hs.120828	c	8,70
2332.			-				cellular retinoic	
							acid binding	
	ACAATGTTGTA	-2	0,4	-0,23	0	Hs.346950		8,70
2333.							KIAA0061	
							protein	
	'						[Swissprot:	
	AGGACTGGCAT	-2	0,4	-0,23	0	Hs.170114		8,70
2334.							thyroid hormone	
							receptor, alpha	
	AGAGAGAGCCC	-2	0,4	-0,27	0	Hs.724	(erythro	7,41
2335.							cytochrome c	
					_		oxidase subunit	
0000	AAAAAAAACAA	-2	0,4	-0,27	0	Hs.70312	VIIa polype	7,41
2336.							hypothetical	
							protein	
	ACTCACTACCC	-2		0.07	_	11- 44407	DKFZp564D046	7.44
2337.	ACTCAGTAGCC	-2	0,4	-0,27	<u> </u>	Hs.44197	2 [Swi	7,41
2331.	'						LDL receptor adaptor protein	
	AGGATAACTTC	-2	0,4	-0,27	٨	Hs.184482	Swiceprot	7,41
2338.	AGGATAACTIC	-2	0,7	-0,21		115.104402	ESTs, Weakly	7,41
2000.							similar to	
							T50609	
	AGCTGTTTAAA	-2	0,4	-0,27	l o	Hs.164480	1	7,41
2339.						7.0	prospero-related	
							homeobox 1	
İ	AGGATAAACTC	-2	0,4	-0,27	0	Hs.14427	[Swissprot:	7,41
2340.							ESTs	.,
							[Swissprot:	.]
	AGGGGAATGGG	-2	0,4	-0,27	0	Hs.134933	none]	7,41
2341.							axin 2	
		1	•				(conductin, axil)	
	ACATTTTGTTC	-2	0,4	-0,27	0	Hs.127337	[Swissprot: sp	7,41
2342.							ubiquitin specific	
							protease 2	
	AGCCAAGAGCC	-2	0,4	-0,27	0	Hs.125877	[Swisspro	7,41
2343.			_				[Swissprot:	
	AGCTCTTGGCA	-2	0,4	-0,31	0	Hs.167	none]	6,45
2344.	a a second of a						leukotriene C4	
1		اءا		0.01	_		synthase	[
00.15	AAGGGGCGGCG	-2	0,4	-0,31	0	Hs.456	[Swissprot: sp	6,45
2345.							phosphoinositide	
	ACCCACTOCAC	_		0.04		44746	-binding protein	اء، ہ
22.42	AGCCACTGCAG	-2	0,4	-0,31	- 0	Hs.44743	SR1 [S	6,45
2346.							ESTs	
Į.	AGGGACTTTAT	-2	ا ہم ا	-0,31	_	LL 40440	[Swissprot:	ا م
	AGGGACTTTAT		0,4	-0,31	0	Hs.43148	none]	6,45

2347.		T			T		ESTs	
							[Swissprot:	
20.40	AACAAGTAATA	-2	0,4	-0,31	0	Hs.98074	none]	6,45
2348.	AGCCCAGGAAT	-2		0.04		 	EST [Swissprot:	
2349.	AGCCCAGGAAT		0,4	-0,31	<u> </u>	Hs.336380	tumor	6,45
_0 .0.		[endothelial	
		1			ŀ		marker 7-related	
	AGGGATCGACA	-2	0,4	-0,31	0	Hs.33033	precu	6,45
2350.		1					ESTs	
	AATGTTAGAGC	-2	0.4	0.04			[Swissprot:	
2351.	ANTOTTAGAGE		0,4	-0,31		Hs.304205	malignant	6,45
							fibrous	
							histiocytoma	
	AGAACTGTGCC	-2	0,4	-0,31	0	Hs.24724	amplified	6,45
2352.		1					ESTs, Weakly	
		1					similar to	
	ACCCTGAATGG	-2	0,4	-0,34	_	Hs.43086	ZN91_HUMAN	5.00
353.			U, 4	-0,34		110.4000	ZINC ESTs, Weakly	5,88
							similar to	
		` 					T26019	
	AGGGTTTTTCT	-2	0,4	-0,34	0	Hs.289088		5,88
2354.							Homo sapiens	
	AATAAAAAATA	-2	0,4	-0,34	_	Un 204275	cDNA FLJ14845	5.00
355.			0,4	-0,34	, 0	ПS.2042/5	fis, clone PL ESTs	5,88
							[Swissprot:	
	ACCAAAGAAGA	-2	0,4	-0,34	0	Hs.250114		5,88
356.							ESTs	· · · · · ·
	ACCCACCTOCA						[Swissprot:	
357.	ACCGAGGTGCA	-2	0,4	-0,34	0	Hs.171882		5,88
007.							KIAA0653 protein, B7-like	
	AAAGCATTAGA	-2	0,4	-0,34	o	Hs.14155	protein [Swis	5,88
2358.		,					mitochondrial	
							ribosomal	
359.	AACCCAGGGAG	-2	0,4	-0,34	0	Hs.111286	protein S11 [Sw	5,88
.309.							hect	
							(homologous to the E6-AP	
	AATATTCATAT	-2	0,4	-0,38	0	Hs.76127	(UBE3A) ca	5,26
360.							ESTs	
	1001010100						[Swissprot:	
361.	ACGACAGAAGC	-2	0,4	-0,38	0	Hs.278932	none]	5,26
301.							Homo sapiens	
	ļ						mRNA for FLJ00189	
	ACATCTGCCTG	-2	0,4	-0,38	0	Hs.293637		5,26
362.		-					EST [Swissprot:	0,20
	AGACCCCATTT	-2	0,4	-0,38	0	Hs.279297	none]	5,26
363.							hypothetical	
							protein	
	ACTGGGCAAGC	-2	0,4	-0,38	۸	Hs.240062	HSU79252	E 00
			U, '1	-0,00		1 13.240002	Homo sapiens,	5,26
2364.	l I							

							IMAGE:3605822	
							, mRNA	
2365.		İ	l				glutamate-	
							cysteine ligase,	
2000	AAAGGCACTGA	-2	0,4	-0,38	0	Hs.151393	catalytic sub	5,26
2366.	,						Homo sapiens	
l				1			mRNA; cDNA	
	AAAAATAAATT	-2	0,4	-0,38	0	Hs.100261	DKFZp564B222	E 26
2367.	7777771777711	<u></u>	- 0,4	-0,30		HS. 100201	pyruvate	5,26
							dehydrogenase	
	AAAGATGTATC	-2	0,4	-0,42	0	Hs.979	(lipoamide) beta	4,76
2368.							GABA(A)	
		ļ					receptor-	
	i						associated	
	AAGGTGGTTGT	-2	0,4	-0,42	0	Hs.336429		4,76
2369.	*					,	cell cycle related	
	ACCCTCCTTTA		_ , .	0.40	•		kinase	4 =0
2370.	AGGCTGGTTTA	-2	0,4	-0,42	0	Hs.26322	[Swissprot: s	4,76
2370.							CTP synthase [Swissprot:	
	ACTGATCTTGT	-2	0,4	-0,42	0	Hs.251871		4,76
2371.	7.010,1101101		0,4	0,72		118.201071	Homo sapiens	7,10
							cDNA FLJ31250	,
	ACAGTGCCACT	-2	0,4	-0,42	0	Hs.246374	fis, clone KI	4,76
2372.							CDC14 cell	
							division cycle 14	
	AAGCAGTTACA	-2	0,4	-0,42	0	Hs.22116	homolog B (4,76
2373.							kinectin 1	
							(kinesin	
	AGAAAGATGGA	-2	0,4	-0,42	Λ	Hs.211577	receptor) [Swisspro	4 76
2374.	AOAAAOATOOA			-0,42		115.211577	Homo sapiens	4,76
20, 4.							cDNA FLJ32056	
	AGGGAAGGTGA	-2	0,4	-0,42	0	Hs.126927		4,76
2375.							ESTs	
							[Swissprot:	
	AGCCACCGAGC	-2	0,4	-0,42	0	Hs.121144		4,76
2376.							ESTs	
	ACCCCCTCTCC	ا		0.40	0	11- 400774	[Swissprot:	4 0
2377.	AGCCGCTGTGC	-2	0,4	-0,42		Hs.106771		4,76
2311.							insulin receptor [Swissprot:	
	AAGGTTCTTCT	-2	0,4	-0,46	0	Hs.89695	splP06213;	4,35
2378.	74.661.161.161		- 0, 1	0,10		110.00000	polymerase	7,00
							(RNA) II (DNA	
_	AGCTCCCAAGA	-2	0,4	-0,46	0	Hs.80475	directed) polyp	4,35
2379.							T cell receptor	
						-	beta locus	
	AATACTTCTCT	-2	0,4	-0,46	<u> 0</u>	Hs.303157	[Swissprot:	4,35
2380.							ESTs	
	AGGTTAAGAGA	ا		0.40	~	11- 070040	[Swissprot:	
2381.	AGGTTAAGAGA	-2	0,4	-0,46	0	Hs.272046	none]	4,35
2301.							KIAA0229	
ļ,							protein [Swissprot:	
	AACGCAGCCTT	-2	0,4	-0,46	n	Hs.20060	sp Q92625;	4,35
2202								
2382.	ACAGTCCCCCA	-2	0,4	-0,46	0	Hs.194369	arginine-	4,35

							glutamic acid	
2383.							dipeptide (RE) re hypothetical	
2303.			1				protein	
							FLJ22662	
	AAACCAATTTT	-2	0,4	-0,46	O	Hs.178470		4,35
2384.				- 0, 10		110:170-170	Homo sapiens	4,00
			İ				cDNA FLJ32429	
	ACTGATGCTCA	-2	0,4	-0,46	. 0	Hs.115467	fis, clone SK	4,35
2385.							EST [Swissprot:	.,
	AGGTCAGGATA	-2	0,4	-0,5	0	Hs.337618		4,00
2386.							ESTs	
		1		i			[Swissprot:	
	AGCCACTACAC	-2	0,4	-0,5	0	Hs.324725		4,00
2387.	-						Homo sapiens	
						,	mRNA for	
	A A A A A TTO A TO	اما			_		FLJ00215	
2200	AAAAATTCATC	-2	0,4	-0,5	0	Hs.288742	<u> </u>	4,00
2388.							Homo sapiens	
	AAAAGTGGTGT	-2	0,4	-0,5	0	Hs.288671	cDNA FLJ11997	4.00
2389.	AAAAGIGGIGI	-2	0,4	-0,5		∏S.2000/ I	fis, clone HE ADP-ribosylation	4,00
2009.							factor 4-like	
	ACCCTTTTTAT	-2	0,4	-0,5	0	Hs.183153		4,00
2390.	7.0001111111		U, T	- 0,0		113.100100	KIAA0645 gene	7,00
							product	
	•						[Swissprot:	
	AATGTCCTCGG	-2	0,4	-0,5	0	Hs.155987	sp O7	4,00
2391.							hypothetical	,
ļ							protein	
							FLJ13340	
	ACCTGCATTCC	-2	0,4	-0,5	0	Hs.125034		4,00
2392.							centaurin, beta 1	
	100T0010100				_		[Swissprot:	
0000	ACCTCCACACG	-2	0,4	-0,5	0	Hs.108947		4,00
2393.							heat shock 70kD	
	ACCCAGTTGTT	ا ا		0.50	^	110 75440	protein 5	0.77
2394.	ACCCAGIIGII	-2	0,4	-0,53	<u> </u>	Hs.75410	(glucose-regul	3,77
2334.							lectin, galactoside-	
1							binding, soluble,	
	AAATCACCAAT	-2	0,4	-0,53	0	Hs.4082	8	3,77
2395.			0, 1	0,00	<u>_</u>	110.4002	small inducible	3,77
							cytokine	
1			- 1	I			I CVLONITIE I	
	AAATTTCAAGC	-2	0,4	-0,53	. 0	Hs.333513		3.77
2396.	AAATTTCAAGC	-2	0,4	-0,53	0	Hs.333513		3,77
2396.			0,4		0	Hs.333513	subfamily E, me	3,77
	AAATTTCAAGC AAGCACTGTGG	-2 -2	0,4	-0,53 -0,53		Hs.333513 Hs.129914	subfamily E, me runt-related transcription	3,77
2396. 2397.							subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly	
	AAGCACTGTGG	-2	0,4	-0,53	0	Hs.129914	subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW	
2397.					0		subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW domain bindi	
	AAGCACTGTGG	-2	0,4	-0,53	0	Hs.129914	subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW domain bindi Homo sapiens	3,77
2397.	AAGCACTGTGG	-2	0,4	-0,53	0	Hs.129914	subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW domain bindi Homo sapiens cDNA:	3,77
2397.	AAGCACTGTGG	-2 -2	0,4	-0,53 -0,57	0	Hs.129914 Hs.339024	subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW domain bindi Homo sapiens cDNA: FLJ22691 fis,	3,77
2397. 2398.	AAGCACTGTGG	-2	0,4	-0,53	0	Hs.129914	subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW domain bindi Homo sapiens cDNA: FLJ22691 fis, clone H	3,77
2397.	AAGCACTGTGG	-2 -2	0,4	-0,53 -0,57	0	Hs.129914 Hs.339024	subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW domain bindi Homo sapiens cDNA: FLJ22691 fis, clone H	3,77
2397. 2398.	AAGCACTGTGG	-2 -2	0,4	-0,53 -0,57	0	Hs.129914 Hs.339024	subfamily E, me runt-related transcription factor 1 (acu ESTs, Weakly similar to WW domain bindi Homo sapiens cDNA: FLJ22691 fis, clone H KIAA0934 protein	3,77

2401. ACTTGATAAAT -2 0,4 -0,57 0 Hs.183684 translati maybe p87, translati maybe p87, translati protein pKFZp761B151 AGAGGAAGTAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 lis, done PL hypothetical protein pCKFZp761B151 AGACAAAATTA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 lis, done PL hypothetical protein pL/10120 SAGCAAAAATTA -2 0,4 -0,61 0 Hs.339808 liswispro 3,2 EST [Swissprot: none] 3,2 hypothetical protein pL/10120 SAGCACACAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.339808 liswispro 3,2 EST [Swissprot: none] 3,2 hypothetical protein								splQ9Y2E4;	
ACTTGATAAAT -2 0.4 -0.57 0 Hs.183684 mybe p97, translati 3,5 protein p	2400.						.,		
ACTTGATAAAT -2 0,4 -0,57 0 Hs.183684 translati hypothetical protein DKFzp761B151 4, [Swi AGAGGAAGTAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 fis, clone PL 3,2 AGACAAAATTA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 fis, clone PL 3,2 hypothetical protein FLJ10120 [Swissprot 3,2 AGCACACACA -2 0,4 -0,61 0 Hs.335156 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAGAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAGAGG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAGAGG -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Nome) 3,2 ACTGAGAGGGGAGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG									
ACTTGATAAAT -2 0,4 -0,57 0 Hs.183684 translati 3,5 hypothetical protein protein protein protein protein protein protein protein protein protein protein cDNA FLJ14321 AGAGAAAATTA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 fis, clone PL 3,2 hypothetical protein protein cDNA FLJ14321 AGAGAAAAAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.335156 hope protein FLJ10120 AGCTAAAAAAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.335156 hope protein									
2401. AGAGGAAGTAA		ACTTGATAAAT	-2	0.4	-0.57	0	Hs.183684		3,51
AGAGGAAGTAA -2 0,4 -0,57 0 Hs.177537 4 [Swis 3,5 Homo sapiens CDNA FLJ14321 and Sprotein FLJ10120 and FLJ1012	2401.				,	-			
AGAGGAAGTAA -2 0,4 -0,57 0 Hs.177537 4 SWi 3,5 2402. AGACAAAATTA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 fis, clone PL 3,2 2403. AGCTAAAAAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.339808 [Swissprot 3,2 2404. AGCCATCACAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.335156 none] 3,2 2405. ACTGAGAAGAGG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334864 [Swissprot 3,2 2406. AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 2407. AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 2408. AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.318437 HoMEOB 3,2 2409. ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.318437 HoMEOB 3,2 2410. AAGGCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.318637 HoMEOB 3,2 2411. AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 Vila polype AATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 Vila polype AAGGCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 Vila polype AAGGACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swissprot 3,2 2411. AGGGGAGTGAT -2 0,4 -0,65 0 Hs.217754 [Swissprot 3,2 2412. AGGGGAGTGAT -2 0,4 -0,65 0 Hs.217754 [Swissprot 3,2 2413. AGGGGAGTGAT -2 0,4 -0,65 0 Hs.217754 [Swissprot 3,2 C-type (calcium dependent, add) AGGGTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGGTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGGTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGGGAGTGAT -2 0,4 -0,65 0 Hs.217754 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGGGAGTGAT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21765 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.21769 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.22679 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.22679 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.22679 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.22679 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.22679 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.22679 [Swissprot: spiCg9H705; 3,0 AGGTTTGATTT -2 0,									
AGAGGAAGTAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 fis, clone PL 3,2 AGACAAAATTA -2 0,4 -0,61 0 Hs.343964 fis, clone PL 3,2 AGCTAAAAAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.339808 [Swissprot 3,2 EST [Swissprot: AGCCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot: ACTGGAAAAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot: ACTGGAAAAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot: ACTGAGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.32840 none] 3,2 ACTGAGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.32840 none] 3,2 ACTGAGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.32840 none] 3,2 ACTGAGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 [Swissprot: ACTGGAAGAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 homeometric protein protei									
AGACAAAATTA -2 0.4 -0.61 0 Hs.343964 fis, clone PL 3,2 2403. AGCTAAAAAAA -2 0.4 -0.61 0 Hs.339808 Swissprot 3,2 EST Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0.4 -0.61 0 Hs.334854 Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0.4 -0.61 0 Hs.334854 Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0.4 -0.61 0 Hs.334854 Swissprot 3,2 EST Swissprot 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0.4 -0.61 0 Hs.334854 Swissprot 3,2 EST Swissprot 3,		AGAGGAAGTAA	-2	0,4	-0,57	0	Hs.177537		3,51
AGACAAAATTA	2402.								
2403.									
AGCTAAAAAAA		AGACAAAATTA	-2	0,4	-0,61	0	Hs.343964	fis, clone PL	3,28
AGCTAAAAAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.339808 [Swissprot 3,2 EST [Swissprot: ST [Swissprot: None] 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.335156 none] 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot: Swissprot: None] 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot: Swissprot: None] 3,2 ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 ACTGAGAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGA	2403.			•				hypothetical	
AGCTAAAAAAA								protein	·
2404								FLJ10120	
AGCCATCACAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.335156 none] 3,2 2405. ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swisspro 3,2 2406. AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 2407. AGAGCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 2408. AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 2408. ACGGGGAGAGAT -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 2409. AATGAAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.33085 [Swissprot: spiQ9HCM5; spiQ9		AGCTAAAAAAA	-2	0,4	-0,61	0	Hs.339808	[Swisspro	3,28
2405. ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swisspro 3,2 ESTs [Swissprot: none] 3,2 EST, Weakly similar to HXB5_HUMAN AGGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 EST, Weakly similar to HXB5_HUMAN	2404.							EST [Swissprot:	
ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swissprot 3,2 ESTS [Swissprot 3,2 ESTS] AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 ESTS [Swissprot: none] 3,2 ESTS [Swissprot 3,2 ESTS] AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 EST, Weakly similar to HXB5_HUMAN HXB5_HUMAN HXB5_HUMAN HXB5_HUMAN HXB5_HUMAN HXB6OB 3,2 EST, Weakly similar to HXB5_HUMAN HXB		AGCCATCACAC	-2	0,4	-0,61	0	Hs.335156	none]	3,28
ACTGAGAAGAG -2 0,4 -0,61 0 Hs.334854 [Swisspro 3,2 2406.] AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 EST, Weakly similar to HXB5_HUMAN HXB	2405.							hypothetical	
ACTGAGAAGAG								protein	
2406. AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none 3,2 EST, Weakly similar to HXB5_HUMAN AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 KIAA1547 protein Swissprot: SpiQ9HCM5; 3,2 2409. AATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 SpiQ9HCM5; 3,2 2410. AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 Vila polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 Swissprot 3,2 hypothetical protein MGC3180 Swissprot 3,2 AGGACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 Swisspro 3,2 Swissprot 3,2 AGGAGAGTGCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.217754 Swissprot 3,0 C-type (calcium dependent, AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 carbohydrate- 3,0 C-type (calcium dependent, AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 carbohydrate- 3,0 C-type (calcium dependent, AGAGGGAGTGCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 SpiQ9H705; 3,0 C-type (calcium dependent, AGAGGGAGTGCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 SpiQ9H705; 3,0 C-type (calcium dependent, AGAGGATGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 SpiQ9H705; 3,0 C-type (calcium dependent, AGAGGATGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 SpiQ9H705; 3,0 C-type (calcium dependent, Calcium									
AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none] 3,2 2407. AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 EST, Weakly similar to HXB5_HUMAN HOMEOB 3,2 KIAA1547 protein [Swissprot: splQ9HCM5; 3,2 2409. ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 splQ9HCM5; 3,2 2410. AATGAAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 VIIa polype 3,2 AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot: aprotein MGC3180 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swissprot: aprotein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swissprot: aprotein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 2413. AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 C-type (calcium dependent, carbohydrate- 3,0 KIAA1458 protein [Swissprot: aprotein Swissprot: aprot		ACTGAGAAGAG		0,4	-0,61	0	Hs.334854	[Swisspro	3,28
AGACCCTGGAC -2 0,4 -0,61 0 Hs.323840 none 3,2	2406.								
2407.									
AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2		AGACCCTGGAC	-2	0,4	-0,61	0	Hs.323840		3,28
AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 2408. ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 splQ9HCM5; 3,2 2409. AATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 Vlla polype 3,2 2410. AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 Swissprot 3,2 2411. AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 Swissprot 3,2 2412. AGGAGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 2413. AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 Carbohydrate- AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 splQ9H705; 3,0 2415. AAGAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 splQ9H705; 3,0 AAGAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 splQ9 3,0	2407.								
AAGTGGAAGAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.316437 HOMEOB 3,2 2408. ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 sp[Q9HCM5; 3,2 2409. AATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 VIIa polype 3,2 2410. AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot MGC3180 hypothetical protein MGC3180 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swissprot 3,2 2412. AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 2413. AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 carbohydrate- 3,0 AGAGGGAGTGTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp[Q9H705; 3,0 ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp[Q9H705; 3,0 AAGAGATGTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp[Q9 3,0)								1	
ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 sp Q9HCM5; 3,2 cytochrome c oxidase subunit VIIa polype 3,2 ATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 VIIa polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 MG						_			
ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 splQ9HCM5; 3,2 cytochrome c oxidase subunit VIIa polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot 3,2 hypothetical protein MGC3180 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 Swissprot 3,0 hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypo	2400	AAG I GGAAGAA	2	0,4	-0,61	0	Hs.316437		3,28
ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 sp Q9HCM5; 3,2 cytochrome c oxidase subunit VIIa polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 hypothetical protein Hs.250570 Swissprot 3,2 a hypothetical protein hypothetical protei	2408.								
ACGGGGAGAGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.31305 sp Q9HCM5; 3,2 cytochrome c oxidase subunit VIIa polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swissprot 3,2 AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 C-type (calcium dependent, carbohydrate- 3,0 KJAA1458 protein Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: 3,0 AGAGGATGTCC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0 AGGGATGTCC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0								•	
2419. AATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 VIIa polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swissprot 3,2 Swissprot: AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 C-type (calcium dependent, carbohydrate- 3,0 KIAA1458 protein Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein Swissprot: AAGAGAGATGTCC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0		ACCCCCACACT	ا م	0.4	0.04	١ ,	11- 04005		
AATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 VIIa polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot 3,2 hypothetical protein MGC3180 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein [Swissprot: academy of the compan	2400	ACGGGGAGAGT		0,4	-0,61	U	Hs.31305		3,28
AATGAAAAATT -2 0,4 -0,61 0 Hs.30888 VIIa polype 3,2 hypothetical protein MGC3180 AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot 3,2 hypothetical protein MGC3180 hypothetical protein MGC3180 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ22202 hypothetical protein FLJ2202 hypothetical protein fLJ2202 hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical protein hypothetical hypothetical hypothetical protein hypothetical hypothe	2409.								
2410.		ΔΑΤΩΛΛΛΛΑΤΤ	_2	0.4	0.61	٨	U~ 20000	l l	2 20
AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 [Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 [Swissprot 3,2 aggregation of the protein FLJ22202 [Swissprot 3,2 aggregation of the protein FLJ22202 [Swissprot 3,2 aggregation of the protein function of the protein	2410	ANIOAAAAII		0,4	-0,01		HS.30000		
AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 Swisspro 3,2 Swissprot: AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 C-type (calcium dependent, carbohydrate-dependent, carbohydrate-dependent, carbohydrate-dependent, Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: Swissprot: SplQ9H705; 3,0 DKFZP564D076 Aprotein Swissprot: Swiss	2410.								
AGCCCCACAAA -2 0,4 -0,61 0 Hs.250570 [Swissprot 3,2 hypothetical protein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swisspro 3,2 [Swissprot 3,2 AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 C-type (calcium dependent, carbohydrate- 3,0 KIAA1458 protein [Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 splQ9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: splQ9 3,0 AGGAGATGTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 splQ9 3,0									
2411. hypothetical protein FLJ22202 AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swisspro 3,2 [Swissprot: none] 3,0 [Swissprot: none] 3,0 C-type (calcium dependent, carbohydrate- 3,0 KIAA1458 protein [Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 splQ9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: splQ9 3,0 AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 splQ9 3,0		AGCCCCACAAA	ا و۔	0.4	-0.61	n	He 250570		3 28
AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swisspro 3,2 [Swissprot: None] 3,0 [Swissprot: Non	2411	7.000007.07881		- 0,-1	0,01		113.200070		3,20
AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swisspro 3,2 [Swissprot: None] 3,0 [Swissprot: Non									
AGCACAGTTGT -2 0,4 -0,61 0 Hs.217754 [Swisspro 3,2 [Swissprot: AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 C-type (calcium dependent, AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 carbohydrate- 3,0 KIAA1458 protein [Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0									
2412. AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 2413. C-type (calcium dependent, carbohydrate- dependent dependent, carbohydrate- dependent depe		AGCACAGTTGT	-2	0.4	-0.61	l o	Hs.217754		3,28
AGGGAGTGTCT -2 0,4 -0,65 0 Hs.141660 none] 3,0 2413. AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 C-type (calcium dependent, carbohydrate- 3,0 KIAA1458 protein [Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 splQ9H705; 3,0 2415. AAGAGATGTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 splQ9 3,0	2412.			<u> </u>		<u>_</u>	1101211701		0,20
2413. C-type (calcium dependent, appendent) C-type (calcium dependent)		AGGGAGTGTCT	-2	0.4	-0.65	l o	Hs.141660		3.08
AGAGGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 dependent, carbohydrate- 3,0 KIAA1458 protein [Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0	2413.				-,		1101111000		0,00
AGAGGAGTGA -2 0,4 -0,65 0 Hs.85201 carbohydrate- 3,0 2414. ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0									
2414. KIAA1458 protein [Swissprot: ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp[Q9H705; 3,0 DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp[Q9 3,0	·	AGAGGGAGTGA	-2	0.4	-0.65	0	Hs.85201		3,08
ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0	2414.								
ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0 2415. DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0									
ACGTTTGATTT -2 0,4 -0,65 0 Hs.27263 sp Q9H705; 3,0 2415. DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0									
2415. DKFZP564D076 4 protein [Swissprot: AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0		ACGTTTGATTT	-2	0,4	-0,65	0	Hs.27263		3,08
4 protein	2415.								
AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0									
AAGAGATGTTC -2 0,4 -0,65 0 Hs.26799 sp Q9 3,0									
0.440	L		-2	0,4	-0,65	0	Hs.26799		3,08
0,0	2416.	AAGACACTGTT							3,08
				-1.					2,001

	1							
							similar to	
							R31240 1	
							[Swiss	
2417.			-				ESTs	
							[Swissprot:	
	AGACTCAGGCC	-2	0,4	-0,65	0	Hs.24305	none]	3,08
2418.		,					ESTs	
							[Swissprot:	
	AGACCCCATCT	-2	0,4	-0,65	0	Hs.126768		3,08
2419.							CGI-65 protein	
							[Swissprot:	
	AGCTTCCGCTT	-2	0,4	-0,65	0	Hs 106529	splQ9BVZ5;sp	3,08
2420.			0, 1	0,00	<u>-</u>	110:100020	HCGII-7 protein	- 0,00
2 120.			,				[Swissprot:	
	AACCCGGTAGG	-2	0,4	-0,69	۸ ا	Hs.69707	none]	2,90
2421.	77000001700		0,4	-0,09		118.09707		2,90
2421.							solute carrier	
	A A A CT A T C A C A	_		0.00	١ ,	11- 404000	family 7 (cationic	0.00
0.400	AAACTATCACA	-2	0,4	-0,69	U	Hs.194693		2,90
2422.							Homo sapiens	
		_					cDNA FLJ25085	
	AGCTTTCCAAT	-2	0,4	-0,73	0	Hs.274402	fis, clone CB	2,74
2423.							Homo sapiens	
							cDNA:	
							FLJ23332 fis,	
	AATATGTGTAC	-2	0,4	-0,73	0	Hs.28794	clone H	2,74
2424.		-					EST [Swissprot:	
	AGAATTTAAAA	-2	0,4	-0,73	lο	Hs.158867		2,74
2425.			-,:		<u>-</u>		caspase 4,	
- ::							apoptosis-	
							related cysteine	
	ACAAGATATTT	-2	0,4	-0,76	l n	Hs.74122	pr	2,63
2426.	710/110/11/11		0,7	-0,70		113.74122	EST [Swissprot:	2,00
2720.	AGCCATTGCAC	-2	0,4	-0,76		Hs.339786		3.63
2427.	AGCCATTGCAC		0,4	-0,70	<u> </u>	118.338700	KIAA0720	2,63
2427.								
							protein	
							[Swissprot:	
2 12 2	AGCCGGATGCT	-2	0,4	-0,76	0	Hs.284232	sp O94827;	2,63
2428.			ļ				[Swissprot:	
	AAAAGATGCTC	-2	0,4	-0,8	0	Hs.347944		2,50
2429.	,				1		ESTs	
	1						[Swissprot:	
	ACCAATACACT	-2	0,4	-0,8	0	Hs.95665	none]	2,50
2430.							transgelin	
		İ			1		[Swissprot:	
1			l		1		splQ01995;splQ	
	AGCCGCGAAGT	-2	0,4	-0,8	l o	Hs.75777	96	2,50
2431.	7.0000070101		0,	- 0,0	_	110.70777	pleckstrin	2,00
2701.			1				homology	
								1
	ACATATTGAGC			0.0	^	LI- 44000	domain-	0.50
2400	ACATALIGAGE	2	0,4	-0,8	 0	Hs.41086	containing, f	2,50
2432.							Homo sapiens	1
] _			_		cDNA FLJ10004	
	AAGATATTCTC	-2	0,4	-0,8	0	Hs.103804	fis, clone HE	2,50
	AAGAIAITOIC		E .				ESTs, Weakly	7
2433.	AAGATATTOTO		1	1				
2433.	,						similar to GP70	l
	AGTAGAAGAAT	-2	0,4	-0,8	0	Hs.193145		2,50
2433. 2434.	AGTAGAAGAAT	-2	0,4	-0,8	0	Hs.193145		2,50
	,	- <u>2</u> -2		-0,8			MOUSE TERAT	2,50 2,50

I								
0.45 =							y complex, class	
2435.							KIAA0998	
		,					protein	
	ACCCACCCTAA	2	0.4	0.0	_	11- 404505	[Swissprot:	0.50
2436.	AGCCAGGGTAA	-2	0,4	-0,8	U	Hs.131525		2,50
2430.							ESTs [Swissprot:	
	AGCCACCGTGT	-2	0,4	-0,84	0	Hs.334251	none]	2,38
2437.	A000A000101	-2	0,4	-0,0-4	U	118.334231	EST, Weakly	2,30
2407.							similar to	
					,		A56194	
	AGAATCACCTG	-2	0,4	-0,84	0	Hs.331089	thromboxan	2,38
2438.							KIAA1673	
							[Swissprot:	
	AAAATGACAGA	-2	0,4	-0,84	0	Hs.301444		2,38
2439.							Homo sapiens	
	-						cDNA FLJ12807	
	AATAATCCTGG	-2	0,4	-0,84	0	Hs.188361	fis, clone NT	2,38
2440.							dihydropyrimidin	
			_				ase-like 2	
0	AACTGGCTGCT	-2	0,4	-0,84	0	Hs.173381		2,38
2441.		,	ŀ				hypothetical	
				İ			protein	
	AAATTTCTATC	2	0.4	۸.,	_	He 225445	FLJ21313	0.07
2442.	AAATTTGTATG	-2	0,4	-0,88	- 0	Hs.235445	ribosomal	2,27
2442.							protein L32	
							[Swissprot:	
	AGGGATATGGG	-2	. 0,4	-0,88	<u>ا</u> ا	Hs.169793		2,27
2443.	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,		,,,	0,00	Ŭ	113.100700	huntingtin	2,21
-							interacting	
	AAAGCTGTGTT	-2	0,4	-0,88	o	Hs.155485	_	2,27
2444.							LPS-induced	
						· ·	TNF-alpha factor	
	AGGCTATTGGA	-2	0,4	-0,92	0	Hs.76507	[Swissprot	2,17
2445.							ESTs, Weakly	
							similar to	
		_					SON_HUMAN	
1	AGGAAGAGGCT	-2	0,4	-0,92	0	Hs.57868	SON PR	2,17
2446.		ŀ			,		KIAA0310 gene	
							product	
	ACCCACTTTCT	_	0.4	0.00	_	Uo 5740	[Swissprot:	
2447	ACCCACTTTCT	-2	0,4	-0,92	- 0	Hs.5716	sp O1	2,17
2447.							glia maturation	
	ACGATGGCCGA	-2	0,4	-0,92	_	Hs.5210	factor, gamma [Swisspro	2 47
2448.	AUGATUGUUA		0,4	-0,92	<u></u>	119.0210	hypothetical	2,17
 0 .			}	ŀ			protein	
1		1					FLJ12610	
.,	AGCTACCACGC	-2	0,4	-0,92	ი	Hs.146139	[Swisspro	- 2,17
2449.				3,02	<u>_</u>		CGI-142	<u> </u>
							[Swissprot:	
							sp Q9UMB4;sp	
	AGAAAATGTGA	-2	0,4	-0,92	0	Hs.127842		2,17
2450.							hypothetical	
			1				protein	
							FLJ10996	
L	AAATGGTTCTG	-2	0,4	-0,95	0	Hs.98324	[Swisspro	2,11
						-		_

2451.							hypothetical	
							protein FLJ22955	
	AGCCCAGGAAG	-2	0,4	-0,95	0	Hs.83097	[Swisspro	2,11
2452.				,	-		EST [Swissprot:	
	AGCCACTGCAT	-2	0,4	-0,95	0	Hs.258916		2,11
2453.	·						tumor necrosis	
	A O T A T C A C C A A	-2		0.05		Un 211600	factor, alpha-	2 11
2454.	AGTATGAGGAA		0,4	-0,95	U	⊓S.211600	induced pro Homo sapiens	2,11
2434.							cDNA FLJ30532	
i	AGGCCCCTTAT	-2	0,4	-0,95	0	Hs.124740	fis, clone BR	2,11
2455.			,				KIAA0632	
				*			protein	
	A A COTA CA A CO		0.4	0.00		112 220240	[Swissprot:	2.02
2456.	AAGGTAGAACC	-2	0,4	-0,99	U	HS.330310	sp O75127; EST [Swissprot:	2,02
2400.	AGGATCGCTTG	-2	0,4	-0,99	0	Hs.255687		2,02
2457.	7.007.11000110		0,1	0,00		1101200001	ESTs	_,
					,		[Swissprot:	
	AACTCAGCTCC	-2	0,4	-0,99	0	Hs.156044		2,02
2458.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
i	AAACTACCCTT	2	0,4	-0,99	ا ا	Hs.101282	DKFZp434B102 (fr	2,02
2459.	AACIACCCII		0,4	-0,99	- 0	1113.101202	cerebral	2,02
2-100.					1		cavernous	
							malformations 1	
<u> </u>	AAGTTCCCATT	-2	0,4	-1,03	0	Hs.93810	[Swi	1,94
2460.							structure specific	
	AAAGAATATGA	-2	0,4	-1,03	١	Hs.79162	recognition protein 1	1,94
2461.	AAAGAATATGA		0,4	-1,00	<u> </u>	113.73102	small fragment	1,04
2401.							nuclease	
	AAACATCTTCA	-2	0,4	-1,03	0	Hs.7527	[Swissprot: sp	1,94
2462.		,					long-chain fatty-	
						044550	acyl elongase	4.04
0.400	AAACAGAGCTG	-2	0,4	-1,03	0	Hs.211556	DKFZP564D116	1,94
2463.							protein	
	•		Ì				Swissprot:	
	ACCAGAGAGCA	-2	0,4	-1,03	0	Hs.181185		1,94
2464.							hypothetical	:
			ļ		l		protein	
	AGTATGCAGAG	-2	0.4	-1,03		Hs.144407	FLJ10956 [Swisspro	1,94
2465	AGTATGCAGAG	 - 2	0,4	-1,03	 	ПS. 144407	translocase of	1,94
2400.	1						inner	
							mitochondrial	
	AACTAAAAAAC	2	0,4	-1,03	0	Hs.340245		- 1,94
2466							ESTs, Weakly	
1							similar to 2004399A	
	ACCTAACCGTC	-2	0,4	-1,07	۸ ا	Hs.9965	chromos	1,87
2467	AUGIAROUGIU	<u></u>	0,4	1,01	†−−	1 10.0000	hypothetical	1,01
]				1		protein	
							FLJ20312	1
L	AAAACTTCTGT	-2	0,4	-1,07	0	Hs.7862	[Swisspro	1,87

2468.		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·					WD repeat	
							domain 12	
	•						[Swissprot:	
	AAATTACATAG	-2	0,4	-1,07	0	Hs.73291	sp Q9GZ	1,87
2469.							karyopherin	
	ACCTGCTTAAC	-2	0,4	-1,07	_	Hs.343581	alpha 1 (importin alpha 5)	1,87
2470.	ACCIGCITAAC		0,4	-1,07		HS.343361	fibronectin 1	1,01
0.							[Swissprot:	
	AGAGCACACCT	-2	0,4	-1,07	0	Hs.287820	sp O95608;sp	1,87
2471.							SH3-domain	
i i					_		kinase binding	
0.470	AAACTAGAAAT	-2	0,4	-1,07	0	Hs.153260	protein 1 [Sw	1,87
2472.							Homo sapiens cDNA:	·
							FLJ23567 fis,	
1	AATGTTTAACG	-2	0,4	-1,07	lο	Hs.13366	clone L	1,87
2473.							hypothetical	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
							protein	
					_		FLJ21870	
2474.	AGAATCACTTA	-2	0,4	-1,07	0	Hs.130815		1,87
2474.		,					hypothetical protein	
			j				FLJ10808	
	AGATTGCTGTT	-2	0,4	-1,11	lο	Hs.59838	[Swisspro	1,80
2475.							cingulin	
ł			1	1			[Swissprot:	
							sp Q9NR25;sp	4.00
2476.	AGGTCAATGAA	-2	0,4	-1,11	0	Hs.18376	Q9P2M TRAF4	1,80
2476.							associated factor	
	AAACAATACAC	-2	0,4	-1,11	l o	Hs.181466	1 [Swissprot: s	1,80
2477.							SFRS protein	
							kinase 2	
			١.,		_		[Swissprot:	
2478.	AAACGAAGTTG	-2	0,4	-1,14	0	Hs.78353	sp P7	1,75
2478.							chromosome 19 open reading	
	ACTATTTCACA	-2	0,4	-1,14	o	Hs.72134	frame 7 [Swi	1,75
2479.				.,			Kruppel-like	.,
	,						factor 13	
	AGCAGCCGCTC	-2	0,4	-1,14	0	Hs.7104	[Swissprot: sp Q	1,75
2480.							Homo sapiens	
							cDNA: FLJ21262 fis,	
	AGGTCGGGAGT	-2	0,4	-1,14	٥ ا	Hs.306727	clone C	1,75
2481.	AGGIGGGGAGI	<u>~</u>	0,4	1,14	- 0	113.000727	synuclein, alpha	1,70
			1				(non A4	
<u> </u>							component of	
2	AAACTATGCAC	2	0,4	-1,18	0	Hs.76930	am	1,69
2482.		ļ					cytidine	
1							deaminase [Swissprot:	
	ACGGTCCAGGA	-2	0,4	-1,18	0	Hs.72924	sp P3232	1,69
2483.			J 3,7	1,10	"	. 10.1 2027	KIAA0171 gene	1,09
							product	
1					1	}	[Swissprot:	
1	ACTTCTGGAAC	-2	0,4	-1,18		Hs.132853	splQ1	1,69

2484.	Г	,			1		Homo sapiens	
2404.							cDNA FLJ12521	
	AAGGACACATC	-2	0,4	-1,22	0	Hs.6217	fis, clone NT	1,64
2485.							KIAA0036 gene	
				ŀ			product	
		_					[Swissprot:	
	AAGTGTGTTTT	-2	0,4	-1,22	0	Hs.169387		1,64
2486.			İ	1		٠	SPRY domain-	
				l			containing SOCS box	
	AAGCGCTACCT	-2	0,4	-1,26	٥	Hs.334697	protein	1,59
2487.	7410000171001		0,4	-1,20		113.004007	hypothetical	1,00
	•						protein	
		j	- 1				FLJ11026	
!	AATGTTTGTGA	-2	0,4	-1,26	0	Hs.135835	[Swisspro	1,59
2488.		- "					small membrane	
		_					protein 1	
	AGAAAGAATCT	-2	0,4	-1,26	0	Hs.107979	[Swissprot: sp	1,59
2489.	-			1			KIAA1344	
							protein [Swissprot:	
	AAATTGCTTAG	-2	0,4	-1,3	n	Hs.30652	sp Q9H9W7;	1,54
2490.	AATTOOTIAG		0,7	-1,0		118.00002	transcobalamin	1,04
2-700.							II; macrocytic	
	AAGCATCTCAG	-2	0,4	-1,34	0	Hs.84232	anemia [S	1,49
2491.							cathepsin O	
				ļ			[Swissprot:	
	AAATGCAGTAG	-2	0,4	-1,34	0	Hs.75262	sp[P43234;]	1,49
2492.							TNF receptor-	
	10000000000	ا		4 2 4	^	11- 000500	associated factor	4.40
2493.	ACAGGCAGAAA	-2	0,4	-1,34		Hs.200526		1,49
2493.							CGI-149 protein [Swissprot:	
	AAGCACTTCTG	-2	0,4	-1,34	o	Hs.189658		1,49
2494.	7 11 10 07 10 17 0 10		- 0, 1	- 1,0 1		110.100000	ESTs, Weakly	1,40
		· 1		i			similar to	
							T12531	
	AGATCAGGAGA	-2	0,4	-1,34	0	Hs.177461		1,49
2495.							KIAA1564	
							protein	
	ACCACTTCCTC	-2		-1,34	0	Hs.173421	Swissprot:	4.40
2496.	ACCACTICCIC	-2	0,4	-1,34		⊓S.1734Z1	sp Q96F26; nucleolar protein	1,49
2430.				į			family A,	
	AACAAGTCTTT	-2	0,4	-1,37	0	Hs.69851	member 1 (H/	1,46
2497.			, 1	-,			potassium large	1,-10
							conductance	
	AAGAAGCGCAA	-2	0,4	-1,37	0	Hs.46784	calcium-acti	1,46
2498.							jumonji homolog	
				· · <u> </u>	اسر د د		(mouse)	
0400	AGGGAGACCTG	-2	0,4	-1,37	0	Hs.40154	[Swissprot: sp	1,46
2499.							zinc finger	
	AAAGGCAGGAA	-2	ایم	-1,37	0	Ho 440450	protein 288	4 40
2500.	ANDUMUGAA		0,4	-1,3/		Hs.118152	[Swissprot: sp zinc finger	1,46
2000.		-					protein 131	
1	ATGAAAAGTGC	-2	0,4	-1,41	0.01	Hs.78743	(clone pHZ-10)	1,42
2501.		-2	0,4	-1,41		Hs.78473	N-	1,42
	100000	-21						

							deposit depo/NL	
							deacetylase/N- sulfotransferase	
	1		ļ				(hepara	
2502.							SFRS protein	***************************************
		1		İ			kinase 2	
							[Swissprot:	
	GTCTTCGAAGT	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.78353	sp P7	1,42
2503.	-		_				general	
							transcription	
	GCTCTGCCCTC	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.68257	factor IIF, polype	1,42
2504.							suppressor of	
	AACAAATCCTT	-2	0.4	4 44	0.04	Uo 5460	G2 allele of	4 40
2505.	AACAAATCCTT	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.5169	SKP1, S. cere pyridoxal	1,42
2303.		.					(pyridoxai (pyridoxine,	
-		1					vitamin B6)	
	ACCGAAACTTG	-2	0,4	-1,41	0.01	Hs.38041	kinas	1,42
2506.							heterogeneous	
		l					nuclear	
							ribonucleoprotei	
	TCGAAGGAACA	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.303627	n	1,42
2507.							thyroid receptor	
							interacting	
0.500	TATAAATTAAA	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.30212	protein 15	1,42
2508.							hypothetical	
	·						protein MGC12945	
	GTGAGACTCCA	-2	0,4	-1,41	0.01	Hs.278823		1,42
2509.	GIGNOROTOGA		0,4	-1,-11	0,01	113.210020	KIAA1376	1,72
		Ī					protein	
		-				,	[Swissprot:	
	AAGCAAGAATG	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.24684	sp Q96B67;	1,42
2510.						-	RAB10, member	
		_					RAS oncogene	
0=11	ACTTAAGGTTG	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.236494		1,42
2511.						:	tuftelin-	
							interacting	
	GCCAAGTGAAC	-2	0,4	-1,41	. 0.01	Hs.20225	protein [Swissprot	1,42
2512.	GCCAAGTGAAC	-2	0,4	-1,-+1	0,01	115.20225	putative Rab5	1,42
2012.							GDP/GTP	
							exchange factor	1
	AGGCCCCAGGG	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.187660	ho	1,42
2513.							CDw92 antigen	
							[Swissprot:	
	TAACAAGTTTC	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.179902		1,42
2514.							prp28, U5	
	<u> </u>						snRNP 100 kd	
0545	AATATTAAAAA	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.168103		1,42
2515.	▼					- '	hypothetical	
							protein	
	GTGATGTCTGT	-2	0,4	-1,41	0.01	Hs.164026	BC011833 [Swisspro	1,42
2516.	GIGAIGIGIGI	-2	0,4	-1,-+1	0,01	1115.104020	KIAA0295	1,42
2010.							protein	
							[Swissprot:	į
	GGCCCCCCTCC	-2	0,4	-1,41	0,01	Hs.155979		1,42
0=4=				-1,45		Hs.77256	enhancer of	1,38
2517.	CAGTTTGAAAT	-2	0,4	- 1.40	(1).11/	I DS. / / / 20	rennancei oi	1 -30 -

							zasta hamalas 2	
							zeste homolog 2 (Drosophila)	
2518.							ESTs, Highly	
2010.				1			similar to	
							S55915	
	CCATCCGCAGG	-2	0,4	-1,45	0.02	Hs.83848	ribosomal	1,38
2519.							EST, Weakly	
							similar to	
							ALU2 HUMAN	
	AACCCAGAAGG	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.295749	ALU SU	1,38
2520.							EST [Swissprot:	
	CCACCACACCC	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.291047	none]	1,38
2521.							nischarin	·
			ļ				[Swissprot:	
							sp Q9UES6;sp	
	GCCTCCAGATT	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.26285	Q9UF	1,38
2522.							EST, Weakly	
							similar to EFHU2	
0500	TTTGTGGTCAA	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.244099		1,38
2523.							ESTs, Weakly	
	GTGGTGTATGC	-2		4.45		11- 200244	similar to 138022	4.00
2524.	GIGGIGIAIGC		0,4	-1,45	0,02	Hs.229244		1,38
2524.							lectin,	
	-1						galactoside- binding, soluble,	
	GCAGCTGACGG	-2	0,4	-1,45	0.02	Hs.227751	billuling, soluble,	1,38
2525.	GOAGGTGAGGG		υ, τ	-1,40	0,02	118.227701	coronin, actin	1,50
2020.							binding protein,	
	GCTTAAAAAAA	-2	0,4	-1,45	0.02	Hs.17377	1C [Swi	1,38
2526.				-,,,,	0,02	110.1101	protein	1,00
							phosphatase 2,	
				<i>'</i>			regulatory	
	TTTGACGAGCT	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.173328	subuni	1,38
2527.		-					Homo sapiens	
							cDNA FLJ32484	
	CAGGAGAACTG	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.150614	fis, clone SK	1,38
2528.		1					KIAA0210 gene	
	-						product	
•		_					[Swissprot:	
	GGAAAATTGGT	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.115740	sp Q9	1,38
2529.							ESTs	
	CAACTOTOACT	م	0.4	4.45	0.00	115 440044	[Swissprot:	4.00
2520	GAACTGTGAGT	-2	0,4	-1,45	0,02	Hs.110044	none]	1,38
2530.							proteasome (prosome,	
							(prosome, macropain) 26S	
1	ATGGTCTCCTG	-2	0,4	-1,49	0.03	Hs.90744	subu	1,34
2531.			5,7	1,70	0,00	1.10.00744	transmembrane,	1,04
							prostate	
1				, 1			androgen	
	CGGGGCGCGCA	-2	0,4	-1,49	0.03	Hs.83883	induced	1,34
2532.			-,,		-,		Homo sapiens	-,
]	cDNA:	
							FLJ21702 fis,	
L	TGGTGGAGGCA	-2	0,4	-1,49	0,03	Hs.326464	clone C	1,34
2533.							uracil-DNA	
							glycosylase 2	
	AGGAAGCTGAG	-2	0,4	-1,49	Λ Λ2	Hs.3041	[Swissprot: sp	1 2/
L.,	[AGGAAGCTGAG]	-2	0,4	-1,49		HS.304 I	Swissprot. sp	1,34

2534.				· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			Homo sapiens,	
				-			clone	
	TOCARCTACAA	-2	0.4	4 40	0.00	11- 004744	MGC:23936	4.04
2535.	TGCAACTACAA		0,4	-1,49	0,03	Hs.301711	IMAGE:3838 alveolar soft part	1,34
_000.							sarcoma	
	TCCAGGGCCGC	-2	0,4	-1,49	0,03	Hs.298351	chromosome re	1,34
25 36.		İ					hypothetical	
							protein FLJ10830	
	AATGCCCCACT	-2	0,4	-1,49	0.03	Hs.273230		1,34
2537.				•			fatty-acid-	
							Coenzyme A	
	TCAGACTAGTT	-2	0,4	-1,49	0.03	Hs.268012	ligase, long-	1,34
2538.	TOAGAGTAGTT		0,4	-1,40	0,00	115.200012	hypothetical	1,34
		1					protein	
							FLJ20647	
2539.	GTTCATTTTGA	-2	0,4	-1,49	0,03	Hs.234149		1,34
೭೮೮೮.]			ĺ			Homo sapiens, Similar to TLH29	
	AAAAATAAAGA	-2	0,4	-1,49	0,03	Hs.19414	protein p	1,34
2540.							interferon	
	AGCGGCTACAC	-2	0,4	-1,49	0.09	Hs.183487	stimulated gene	4 0 4
2541.	AGCGGCTACAC	-2	0,4	-1,49	0,03	HS.183487	(20kD) [Swis karyopherin	1,34
_5							(importin) beta 2	
	TATTCCTGTGA	-2	0,4	-1,49	0,03	Hs.168075	[Swisspro	1,34
2542.		l					nuclear factor	
	ATGCCCAATGT	-2	0,4	-1,49	0.03	He 155306	(erythroid- derived 2)-lik	1,34
2543.			0,4	1,40	0,00	110.100000	KIAA0404	1,04
					-	*	protein	
	AAGTGGAATAA	-2		4.40	0.00		[Swissprot:	4.04
2544.	AAGTGGAATAA	-2	0,4	-1,49	0,03	Hs.105850	sp O43154; lysosomal-	1,34
		-					associated	
							membrane	
2545	TTTTTTCTTCA	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.8262	protein 2	1,31
2545.		1				,	uridine monophosphate	
		1				,	monophosphate kinase	
	GAGATGAAATG	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.75939	[Swissprot	1,31
2546.							BRG1-binding	
						,	protein ELD/OSA1	
	AATCAAGGTGT	-2	0,4	-1,53	0.04	Hs.73287	[Swisspro	1,31
2547.			-, -, -				F-box and	1,01
	TOTOMACACTT	إ	ارير	4 50		== :-	leucine-rich	
2548.	TCTGAAGACTT	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.5548	repeat protein 5 hypothetical	1,31
_U-TU.							nypotnetical protein	
							MGC11242	
05.40	TAAGTAAAGTG	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.36529	[Swisspro	1,31
2549.				Ì			Homo sapiens mRNA; cDNA	•
		l		Ì			DKFZp761J052	
	CCCTGTTTTTT	-2	0,4	-1,53	0.04	Hs.172572		1,31

PCT/EP2003/014068

179

0==0	T			·		, 		
2550.	CGCCACCACAC	-2	0,4	-1,53	0.04	Hs.335329	EST [Swissprot: none]	1 21
2551.			0,4	-1,00	0,04	1 15.555529	actin related	1,31
							protein 2/3	
2550	TCTCCACGAAG	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.323342		1,31
2552.	-						F-box and WD-	
	AAGTGAAGAGC	-2	0,4	-1,53	0.04	Hs.31945	40 domain protein 7 (archip	1,31
2553.					3,5		hypothetical	1,01
				[protein	
	CTACCTCTGAA	-2	0,4	-1,53	004	H= 2004 04	MGC3196	
2554.	OTAGGTGTGAA	-2	0,4	-1,55	0,04	Hs.309161	v-maf	1,31
							musculoaponeur	
							otic	
2555.	ACCTATTTGTG	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.252229		1,31
2000.	•		-				splicing factor 1 [Swissprot:	
	CCGCCCTTCGG	-2	0,4	-1,53	0.04	Hs.180677		1,31
2556.			•				pleckstrin	1,01
				,			homology	
	AGGCTTCTAGC	-2	0,4	-1,53	0.04	Hs.17757	domain-	4.04
2557.	AGGOTTOTAGG	-2	0,4	-1,55	0,04	ITS. 1 1 1 3 1	containing, f apurinic/apyrimid	1,31
							inic	
		_					endonuclease-	
2558.	AGGCTGCGGTG	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.154149		1,31
2000.							hypothetical protein	
							FLJ20580	
	AAGGTGAAGTA	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.146861		1,31
2559.							timeless	
							homolog (Drosophila)	
	TAAGATTAGAA	-2	0,4	-1,53	0,04	Hs.118631		1,31
2560.				·			hypothetical	.,,
							protein	
	CCAAATGATGA	-2	0,4	-1,56	0.04	Hs.99519	FLJ14007 [Swisspro	4 20
2561.	OO, TUTTO, TOA		0,4	-1,50	0,04	118.33313	Homo sapiens	1,28
							mRNA full length	
0500	TCACGCGCTCC	-2	0,4	-1,56	0,04	Hs.93231	insert cDN	1,28
2562.							presenilin 1	
	TTGAAGTCAAA	-2	0,4	-1,56	0.04	Hs.3260	(Alzheimer disease 3) [Swi	1,28
2563.				1,00	0,04	113.0200	Homo sapiens,	1,20
		.	=				clone	
				4 = 0			IMAGE:4558254	
2564.	CAGGGGAAGGC	-2	0,4	-1,56	0,04	Hs.302435	, mRNA, ubiquitin specific	1,28
						*	protease 19	
	GAGGAGGTGGA	-2	0,4	-1,56	0,04	Hs.301373		1,28
2565.			T				LIM domain	
				`			kinase 2	-
	TGCAGGTACTG	-2	0,4	-1,56	0.04	Hs.278027	[Swissprot: sp P536	1,28
			-, -	.,	- 5,5-7			1,20
2566.	CCTGTAATCCG	-2	1	l			hypothetical	

т					<u>1</u>		FLJ20413	
			1]	1	[Swisspro	
2567.							hypothetical	
2507.			İ	İ			protein	
							FLJ20171	
	TAACTCCAAAG	-2	0,4	-1,56	0.04		[Swisspro	1,28
2568.	7,0,0,0,0,0,0		<u> </u>	-,,,,,	,		v-erb-b2	
				j			erythroblastic	
	TGCCGTAAATG	-2	0,4	-1,56	0,04	Hs.199067	leukemia viral o	1,28
2569.							hypothetical	
		i		1			protein	
İ	,	1					FLJ22794	
	ATGACTGCTGT	-2	0,4	-1,56	0,04	Hs.19525	[Swisspro	1,28
2570.							heterogeneous	
			Į				nuclear	
		İ					ribonucleoprotei	
	TTACACAGACT	-2	0,4	-1,56	0,04	Hs.182447	n	1,28
2571.			ŀ	ļ			DKFZP566B183	
1							protein	
				4.50	0.04	11- 40005	[Swissprot:	4.00
	TTGTGTTCTTT	-2	0,4	-1,56	0,04	Hs.12305	sp Q9B	1,28
2572.							MGC16028	
		1					similar to RIKEN cDNA	
	AACAATCCAA	-2	ا م	4.6	0.05	Hs.8984	1700019E1	1,25
2573.	AAGAAATGCAA	-2	0,4	-1,6	0,05	⊓5.090 4	hypothetical	1,20
25/3.							protein	
1				İ			MGC4618	
	CTCTTATTTCA	-2	0,4	-1,6	0.05	Hs.89072	[Swissprot	1,25
2574.	OTOTIATION		0,-	1,0	0,00	110.00072	FUS interacting	
2077.		1					protein (serine-	
	TTCTGTGTATA	-2	0,4	-1,6	0.05	Hs.288038		1,25
2575.	11.010101111111						Homo sapiens,	<u>.</u> ,
,							clone	
							IMAGE:4513687	,
	CAGCTTAATTA	-2	0,4	-1,6	0,05	Hs.13996	, mRNA	1,25
2576.							Homo sapiens	
							cDNA FLJ11801	
	GTAATTCTCAA	-2	0,4	-1,6	0,05	Hs.334706	fis, clone HE	1,25
2577.							Homo sapiens	
							cDNA:	
					0.05		FLJ22106 fis,	4.05
	TTATCCTTCAC	-2	0,4	-1,6	0,05	Hs.323470		1,25
2578.	•						Homo sapiens	
			:			l.	mRNA; cDNA	
1	CACCTCAACAT	-2	0.4	16	0.05	He 206227	DKFZp434A012 (fr	1,25
2579.	GAGCTCAAGAT		0,4	-1,6	0,05	Hs.306327	ELK3, ETS-	1,20
^{∠5/9} .	·]						domain protein	
1	TGTGTGTTAGC	2	0,4	-1,6	0.05	Hs.288555		1,25
2580.			0,4	1,0	3,00	1.10.200000	heterogeneous	1,20
2000.	•						nuclear	
							ribonucleoprotei	
ĺ	ATTTTGCTTGG	-2	0,4	-1,6	0.05	Hs.249495	1 ' 1	1,25
2581.				,, <u>,,</u>	3,00	1.10.210100	G protein-	.,
1-001.	·	1		1			binding protein	<u>.</u> I
							The rest of the country of	
	CGTGGTGGTGG	-2	0.4	-1.6	0.05	Hs.215766	CRFG [Swisspr	1,25
2582	CGTGGTGGTGG · AAGTGCATTTG	-2 -2	0,4 0,4	-1,6 -1,6		Hs.215766 Hs.16697	CRFG [Swisspr down-regulator	1,25 1,25

							of transcription	
							1, TBP-b	
2583.							fucosyltransferas	
	AACAAATTOTT	-2	0.4	1.6	0.05	Un 110700	e 8 (alpha (1,6)	1 25
2584.	AACAAATTCTT	-2	0,4	-1,6	0,05	Hs.118722	fucosy hypothetical	1,25
2004.							protein 24432	
	CGGCAGGAAAA	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.78019	[Swissprot:	1,22
2585.							peptidyl-prolyl	
	TTOTTTTOOA		ار	4.04	0.00	U- 77005	isomerase G	4 00
2586.	TTGTTTTTGGA	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.77965	(cyclophilin hypothetical	1,22
2300.							protein	
							BC011982	
	TGCCTGTGAAA	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.7678	[Swisspro	1,22
2587.				l			vacuolar protein	
	ATGTATAATAA	-2	0,4	-1,64	0.06	Hs.67052	sorting 26	4 00
2588.	AIGIAIAAIAA	-2	0,4	-1,04	0,00	HS.07032	(yeast) [Sw KIAA0376	1,22
2000.				į	;	;	protein	
							[Swissprot:	
	GGTCCAGCATC	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.4791	sp O15081;	1,22
2589.		ļ		ľ			(Manual	
							assignment) Cdc26, APC	
	AGATTACTGAT	-2	0,4	-1,64	0.06	Hs.3991	component	1,22
2590.							mitogen-	
				1			activated protein	
0504	TGTTGGGTTCT	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.3628	kinase kinase	1,22
2591.				'			ribosomal protein, large,	
	ATGGGCACTGA	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.274201		1,22
2592.							tryptophan rich	
							basic protein	
0500	ATGCATTGTTT	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.198308		1,22
2593.							CASP8 and FADD-like	
							apoptosis	
	CTGTGATTGTG	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.195175		1,22
2594.	,						Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
	CCAAAATTCTA	-2	0,4	-1,64	0.06	Hs.193700	DKFZp586l0324	1,22
2595.	COARACTIOIA		0,4	-1,0-	0,00	113.133700	syntrophin, beta	1,22
							2 (dystrophin-	
	GACCTGCACTC	-2	0,4	-1,64	0,06	Hs.172278		1,22
2596.							interferon	
	GGCAAGTGCAA	-2	0,4	-1,64	0.06	Hs.166120	regulatory factor 7 [Swisspr	4 22
2597.		-2	0,4	-1,04	0,00	I⊓S.100120	chemokine (C-X-	1,22
				-			C motif) ligand	
	CCTGGCCCTAT	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.82407	16 [Swis	1,19
2598.							ceroid-	
	AGGTATGCACA	-2	A 4	-1,68	A 07	Ho 42654	lipofuscinosis,	440
2599.	AGGTATGGAGA	-2	0,4	-1,00	0,07	Hs.43654	neuronal 6, late ESTs	1,19
2000.						1	[Swissprot:	
L	GAAATGTATGC	-2	0,4	-1,68	<u>0,</u> 07	Hs.21610	none]	1,19

2600.		1			, ,		ESTs, Highly	
		:					similar to	
	AGGAGATGGAG	-2	0,4	-1,68	0.07	Hs.73987	CLK3_HUMAN PROTE	1,19
2601.	NOONONIOONO		0,4	-1,00	0,07	113.73307	endothelin	1,10
							converting	
				,			enzyme 1	
	TCTATCTCAGG	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.288203		1,19
2602.							membrane	
					!		component,	
l i	AGAGCAGGTAC	-2	0,4	-1,68	0.07	Hs.278672	chromosome 11, surfa	1,19
2603.	710710071001710		0,4	1,00	0,01	113.270072	Homo sapiens,	1,10
							clone	
							IMAGE:4617948	
	TGGGTCTGGAT	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.25328	, mRNA	1,19
2604.							ESTs, Highly	
							similar to	
	TGGAGAGAATA	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.249247	ROA3_HUMAN HETER	1,19
2605.	TOOAOAATA		0,4	-1,00	0,07	113.243241	centaurin, beta 5	1,18
							[Swissprot:	
	TTCTTTGTAGC	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.21446	sp Q8WTZ1	1,19
2606.							ESTs, Weakly	
						:	similar to	
	CTCAACCCTCT	ا ا	0.4	4.60	0.07	U- 204460	S65657 alpha-	4.40
2607.	GTGAACCCTGT	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.204169	1C- zinc finger	1,19
2007.	·						protein 42	
	GTCAGAACACC	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.169832		1,19
2608.							hypothetical	
1							protein	
	0700440000			4.00			FLJ23360	
2609.	GTGCAACCCCG	-2	0,4	-1,68	0,07	Hs.161279	 	1,19
2009.							glucocorticoid receptor DNA	
	TTCCCTGTGTA	-2	0,4	-1,68	0.07	Hs.102548		1,19
2610.			-,-	.,			[Swissprot:	.,,
	AAAAGGAGATC	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.144904	none]	1,16
2611.							proteasome	
							(prosome,	
	TTGCCGGTTTC	-2	0.4	1 70	0.00	Uo 75005	macropain)	4 46
2612.	ITIGCCGGTTTC	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.75925	inhibito ZW10 interactor	1,16
							[Swissprot:	
	GATCCAAATGT	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.42650	sp O95229;s	1,16
2613.			•				ESTs	
				_			[Swissprot:	
0011	GATGTTGTCCA	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.279607	none]	1,16
2614.		1. 1.		-			Homo sapiens	
	GAGAAAAAAA	-2	0,4	-1,72	0.08	Hs.10450	chromosome 2, 10 repeat reg	1 16
2615.		-2	U, 4	-1,12	0,00	113.10400	Homo sapiens	1,16
							cDNA:	
							FLJ22165 fis,	
				1 4		Lu- 00000	Íslana U	4.40
	CAGACTGTTTC	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.69662	clone H	1,16
2616.		-2 -2	0,4	-1,72 -1,72		Hs.30819	hypothetical protein C40	1,16

183

	[· ·	[Swissprot: sp	
2617.							Homo sapiens	
							cDNA FLJ31373	
	CTTCGGGCTGC	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.281434	fis, clone NB	1,16
2618.							Homo sapiens	
							mRNA; cDNA	
	GTGGCATACAC	ار		4 70	0.00	000000	DKFZp761D091	
2619.	GIGGCATACAC	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.223603		1,16
2013.							paraspeckle protein 1	
	-						Swissprot:	
	AGCTTTGTAGA	-2	0,4	-1,72	0,08	Hs.16364	sp Q8	1,16
2620.							hypothetical	
							protein	
1	AACCAATACAG	-2	0,4	-1,72	0.00	Hs.146161	MGC2408	4.40
2621.	AACCAATACAG		0,4	-1,72	0,08	ПS. 146161	HSPC041	1,16
							protein	
							[Swissprot:	
<u> </u>	ACTCAAATCTT	-2	0,4	-1,76	0,08	Hs.7953	sp Q96EQ4;s	1,14
2622.							protein tyrosine	
	TAATTTTAACT	-2	0.4	176	0.00	Hs.78867	phosphatase,	4.44
2623.	TAATTTAACT	-2	0,4	-1,76	0,08	HS./666/	receptor-t protein tyrosine	1,14
						-	phosphatase	
	TAGGTCAGGAC	-2	0,4	-1,76	0,08	Hs.43666	type IVA, m	1,14
2624.							EST [Swissprot:	
<u> </u>	ACTGCACCACT	-2	0,4	-1,76	0,08	Hs.185910		1,14
2625.							Homo sapiens	
	GGATACAACAC	-2	0,4	-1,76	0.00	Ho 272459	cDNA FLJ30816	4 4 4
2626.	GGATAGAGAG	-2	0,4	-1,70	0,08	ПS.212456	fis, clone FE hypothetical	1,14
-0-0.							protein	
							DKFZp762N061	
	GGCTTCCTAAT	-2	0,4	-1,76	0,08	Hs.284146		1,14
2627.							ESTs, Weakly	
	GCACAAGAGTG	-2	0,4	-1,76	0.00	Hs.25892	similar to 137356 epithelia	
2628.	CONCANDAGIG		0,4	-1,70	0,08	H8.23692	hypothetical	1,14
		i					protein	
							FLJ12592	
2222	GCCTCCAGCCT	-2	0,4	-1,76	0,08	Hs.23100	[Swisspro	1,14
2629.							DKFZP564F052	
							2 protein [Swissprot:	
	TAAACATTGTC	-2	0,4	-1,76	0.08	Hs.23060	sp Q9	1,14
2630.					3,00	1.5,25000	SWI/SNF	1,17
							related, matrix	
0001	ACAGCCGTGGG	-2	0,4	-1,76	0,08	Hs.123090	associated, acti	1,14
2631.						-	calcium/calmodu	
	TCCTACGGAAA	-2	0,4	-1,76		Hs.108708	lin-dependent	4 4 4
2632.	. 55 1, 1555, 174		- U,-	-1,70	0,00	118,100/00	tyrosine kinase	1,14
							with	
							immunoglobulin	
	CCCTGTTCAGC	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.78824	and	1,12
2633.	CAACACATTCA	ا ِ		4	0.05		splicing factor,	2.7
L	GAACACATTGA	2	0,4	-1,79	0,09	Hs.6891	arginine/serine-	1,12
			_				·	

							rich 6	
2634.							guanylate	
							binding protein	
	GGCAGGAGTAG	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.62661	1, interferon-	1,12
2635.					!		KIAA1538	
							protein	
	CCTTTTCCACC	ار	ا م	4 70	0.00	11- 05000	[Swissprot:	4.40
2636.	GCTTTTGGAGG	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.35096	sp Q96B82;	1,12
2030.							Homo sapiens mRNA; cDNA	
							DKFZp586A061	
	TGGGAGCCCTG	-2	0,4	-1,79	0.09	Hs.111334		1,12
2637.			<u> </u>		- 0,00	110.11.1001	hypothetical	
							protein	
						i	MGC4840	
	GTGGCACCCGC	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.301872	[Swissprot	1,12
2638.							hypothetical	
							gene	
							DKFZp547M072	
	AAACTCACGCC	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.300870		1,12
2639.							Ca2+-promoted	
							Ras inactivator	
0040	GCTGGCCGGAA	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.184367	[Swisspro	1,12
2640.							protein	
	TCGAATTTTAG	-2	0,4	-1,79	0.00	Hs.16533	phosphatase 1,	4 40
2641.	TOGAATTTAG	-2	0,4	-1,79	0,09	HS. 10000	regulatory (inhib zinc finger	1,12
2041.							protein 337	
	AGCCCTCAACA	-2	0,4	-1,79	n na	He 130240	[Swissprot: sp	1,12
2642.	AGOOG TOAROA		. 0,7	-1,75	0,00	113.103240	hypothetical	1,12
	,						protein	
							DKFZp564F013	
	TGTTGTATTTG	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.128653		1,12
2643.							DEAD/H (Asp-	
		,					Glu-Ala-Asp/His)	
ļ	GTGAGGGCACA	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.107382	box polypep	1,12
2644.							Homo sapiens	
							cDNA:	
				4			FLJ20944 fis,	
	GCTGTAGACAA	-2	0,4	-1,79	0,09	Hs.10362	clone A	1,12
2645.							Homo sapiens	
							cDNA: FLJ21221 fis.	
ł	GTGGTGGACGC	-2	0,4	-1,83	0.4	Hs.47193	clone C	1.00
2646.	GIGGIGGACGC		0,4	-1,03	0,1	П8.47 193	Homo sapiens	1,09
2040.							mRNA full length	
1	GTGAAACCGTC	-2	0,4	-1,83	0.1	Hs.30596	insert cDN	1,09
2647.	2.2.2.000,0		, J, T	1,00	9,1	. 10.0000	hypothetical	1,00
							protein	İ
							BC013995	
L	GACGGCTGCAA	-2	0,4	-1,83	0,1	Hs.250700		1,09
2648.							mucolipin 1	
1	1						[Swissprot:	İ
						1	sp Q9GZU1;sp	
	GTGCTCAGCCT	-2	0,4	-1,83	0,1	Hs.12909	Q9	1,09
2649.	·	1	1				PR/SET domain	
	A COTO OTO ====					I	containing	.
	ACCTGGTGTCT	-2	0,4	-1,83	0,1	Hs.111988	protein 07 [Sw	1,09

2650.						Γ .	hypothetical	
							protein	
							DKFZp761B242	
	CAGGCACTGAA	-2	0,4	-1,87	0,11	Hs.91065	3 [Swi	1,07
2651.	•						ESTs, Weakly	
				ļ			similar to	
	GTGGCATTTGC	-2	0,4	-1,87	0 11	Hs.8121	A40043 notch	1.07
2652.	01000,11100			-1,07	0,11	113.0121	EST [Swissprot:	1,07
	TTCATACACCC	-2	0,4	-1,87	0,11	Hs.330871	none]	1,07
2653.					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		Bardet-Biedl	
		_					syndrome 4	
0054	ATGCTGTCTGC	-2	0,4	-1,87	0,11	Hs.26471	[Swissprot: sp	1,07
2654.							hypothetical	•
							gene DKFZp434A101	
ĺ	CCCCACTAAAC	-2	0,4	-1,87	0 11	Hs.21036	0 [Swissp	1,07
2655.			<u> </u>	1,01	0,11	110.21000	homolog of	1,01
							yeast exosomal	
	TTTCTGTGAAC	-2	0,4	-1,87	0,11	Hs.14415	core protein C	1,07
2656.							transducer of	
			0.4	امما	0.40	4004	ERBB2, 2	
2657.	ATACATAATAA	-2	0,4	-1,91	0,12	Hs.4994	[Swissprot: sp Q	1,05
2037.							ESTs [Swissprot:	
	TACCAAGCCAG	-2	0,4	-1,91	0.12	Hs.31388	none]	1,05
2658.		_		.,,		110101000	hypothetical	1,00
							protein	i
							FLJ13441	
0050	GTAGGGGCCTC	-2	0,4	-1,91	0,12	Hs.232146		1,05
2659.							KRAB zinc finger	
	CCTGTAAATCC	-2	0,4	-1,91	0.12	Hs.206882	protein KR18 [Swisspro	1,05
2660.	001017201100		<u> </u>	1,01	0,12	113.200002	F-box only	1,00
							protein 21	
							[Swissprot:	
	GGGCTCCAGGA	-2	0,4	-1,91	0,12	Hs.184227		1,05
2661.							phosphoglycerat	
] .1	AGCGGAGTCTG	-2	0,4	-1,91	0.40	LIC 404040	e mutase 1	4.05
2662.		-2	0,4	1,51	0,12	Hs.181013	(brain) [Swis hypothetical	1,05
-00-				:			protein	
							MGC2654	
	ACCCATCGCCT	-2	0,4	-1,91	0,12	Hs.165428		1,05
2663.					,		hypothetical	
							protein	
	GAAGTCATTTT	3	0.4	4.04	0.40	11- 404470	FLJ21939	4.0-
2664.	GAAGICAIIII	-2	0,4	-1,91	0,12	Hs.164478	similar to	1,05
							hypothetical protein	İ
		- ,					FLJ10511	-
	TGTTTGGTTTC	-2	0,4	-1,91	0,12	Hs.106768		1,05
2665.							KIAA0239	
							protein	
	GGGGCTTCCAG	ا ۾	ارم	4.05	0.46	11- 0700	[Swissprot:	, _ [
2666.	GGGGCTTCCAG	-2	0,4	-1,95	0,13	Hs.9729	sp Q92513;	1,03
~ UUU.		1					Homo sapiens	
	CCTCCCTGCTC	-2	0,4	-1,95	0.12	Hs.90790	cDNA:	1,03

			·r					~ ~~~
						1	FLJ22930 fis,	
2667.							clone K	
2007.	,			ĺ			CUG triplet repeat, RNA	
	ATGGGATTTTT	-2	0,4	-1,95	0.13	Hs.81248	binding protein	1,03
2668.	MIOOOMITTI		U,T	-1,50	0,10	115.01240	PRP4/STK/WD	1,03
_000.							splicing factor	
	ACGTCTCTATT	-2	0,4	-1,95	0.13	Hs.3991	[Swissprot:	1,03
2669.		—— <u>-</u> -		1,00	0,10	110.0001	hypothetical	1,00
				Ī			protein	
							FLJ23239	
	GCTGGTTCCTG	-2	0,4	-1,95	0,13	Hs.34516	[Swisspro	1,03
2670.							tropomyosin 4	
							[Swissprot:	
	ACCAAATATTT	-2	0,4	-1,95	0,13	Hs.250641	sp[P07226;]	1,03
2671.							nurim (nuclear	
	·			İ			envelope	
							membrane	
2072	ACACTCTCCCC	-2	0,4	-1,98	0,13	Hs.57222	protein	1,01
2672.			j			İ	Homo sapiens,	
							clone	
	GGAGTAAGGGG	-2	0,4	-1,98	0.42	Uo 5160	MGC:23280	4 64
2673.	GGAGTAAGGGG		U, 4	-1,90	0,13	Hs.5163	IMAGE:4637	1,01
2013.	CCTGTACTCCC	-2	0,4	-1,98	0.12	Hs.291106	EST [Swissprot: none]	4.04
2674.	COTOTACTOCO		U, -	-1,901	0,13	П5.291100	KIAA1404	1,01
LU1 T.							protein	
							Swissprot:	
	CCAGCAGCTTC	-2	0,4	-1,98	0.13	Hs.200317	sp Q9H8C1;	1,01
2675.			, -		<u> </u>	110.200011	Rho-associated,	1,01
							coiled-coil	
	CTAGACGTTGA	-2	0,4	-1,98	0,13	Hs.17820	containing p	1,01
2676.							KIAA0892	·
							protein	
				. 1			[Swissprot:	
	ATCGCGACACT	-2	0,4	-1,98	0,13	Hs.112751	sp Q96D89;	1,01
2677.		ľ					chromosome 22	
							open reading	
2070	CTGCCCTAGTA	-2	0,4	-1,98	0,13	Hs.106730	frame 3 [Swi	1,01
2678.							Homo sapiens	
	CTTCTAGCAAA	-2	0,4	-2,02	0.44	Un 0040	EST from clone	0.00
2679.	CITCIAGCAAA	-2	0,4	-2,02	0,14	Hs.9042	491476, full	0,99
2019.		İ					uncoupling protein 2	
							(mitochondrial,	
	СТТТССТТТТС	-2	0,4	-2,02	0 14	Hs.80658	pro	0,99
2680.						11010000	hypothetical	0,00
							protein	
							FLJ20643	
	CCGCTTCTGCT	2	0,4	-2,02	0,14	Hs.5245	[Swisspro	0,99
2681.		-					laminin, alpha 4	,
							[Swissprot:	
	ACAGAGCACAG	-2	0,4	-2,06	0,15	Hs.78672	sp Q14731;	0,97
2682.							hypothetical	
							protein	
	04000070007						FLJ21865	
2683.	CAGGGCTCGCG	-2 -2	0,4	-2,06		Hs.29288	[Swisspro	0,97
	TGGTTCTATAT	- 1	0,4	-2,06		Hs.26213	chromosome 20	0,97

							open reading	
							frame 167 [S	
2684.	TOCOTATAGOS			0.00			EST [Swissprot:	
2605	TGCCTATAGCC	-2	0,4	-2,06	0,15	Hs.258445		0,97
2685.							hypothetical protein	
							FLJ11021	
	GCAGCTCAGAT	-2	0,4	-2,1	0.16	Hs.81648	similar to	0,95
2686.			,.		0,10	110.01010	hypothetical	0,00
							protein	
							FLJ22174	
0007	GTGTCGCATCT	-2	0,4	-2,1	0,16	Hs.7734	[Swisspro	0,95
2687.	1						transducer of	
	CAGTATCCCAG	-2	0,4	-2,1	0.16	Hs.4994	ERBB2, 2	0.05
2688.	CAGTATCCCAG		0,4	-2,1	0,16	ПS.4994	[Swissprot: sp Q succinate-CoA	0,95
2000.		,	-				ligase, GDP-	
	ATGTCCAATTT	-2	0,4	-2,1	0,16	Hs.247309	forming, beta	0,95
2689.							high-mobility	-,
ļ							group	
]							(nonhistone	
2000	AATATGGTACA	-2	0,4	-2,1	0,16	Hs.236774	chromoso	0,95
2690.							6-	
							phosphofructo- 2-	
		*					kinase/fructose-	
	AACTTTTGGCG	-2	0,4	-2,1	0,16	Hs.195471		0,95
2691.							bromodomain	
							adjacent to zinc	
2000	AAACAGTTGTG	-2	0,4	-2,1	0,16	Hs.194688	finger doma	0,95
2692.							TERA protein	
	TGGTAGATGCA	-2	0,4	-2,1	0.16	He 180780	[Swissprot: sp Q9BSZ8;sp Q	0,95
2693.	TOOTAGATOGA		0,4	-2,1	0,10	118.100700	microtubule-	0,90
							associated	
							protein, RP/EB	
	TGAGGGATGGA	-2	0,4	-2,1	0,16	Hs.172740		0,95
2694.							hypothetical	
							protein	
İ	ТСТСТВССТСТ	-2	0,4	-2,14	0.17	Hs.77365	MGC5242 [Swissprot	0,93
2695.			0,4	-Z, I-T	0,17	118.77303	hypothetical	0,93
							protein	
							FLJ12525	
	GGCTCAAAACT	-2	0,4	-2,14	0,17	Hs.321618	[Swisspro	0,93
2696.			-]			hypothetical	
		ł					protein	
	GGGGCCTGAGT	-2	0,4	-2,14	0,17	Ho 204200	DKFZp547H236	0.00
2697.	CCCCCTGAGT	-2	0,4	-2,14	0,17	Hs.284280	[Swis Homo sapiens	0,93
-307			-	·			cDNA FLJ20149	
L	GTGAGGCCCCG	-2	0,4	-2,14	0,17	Hs.272193	fis, clone CO	0,93
2698.							CDC42 binding	-,
							protein kinase	
0000	GAGCCCCCGTG	-2	0,4	-2,14	0,17	Hs.12908	beta (DMPK-	0,93
2699.							myeloid/lymphoi	
	TCAGCGGAGAA	-2	0.4	-2,14	0.47	Hs.100469	d or mixed-	
	ITONGGGGAGAA	-2	0,4	-2,14	U, 17	_⊓s.100469	lineage leukem	0,93

2700.							huntingtin	
2.00.							interacting	
	ссстсствстс	-2	0,4	-2,18	0.10	Hs.96731	protein 12 [Swis	0.00
2701.	00010010010		0,4	-2, 10	0,10	HS.80731		0,92
2701.							DnaJ (Hsp40)	
							homolog,	
!	CACTOACOCAA	ا		0.40			subfamily B,	
0700	CACTGAGCCAA	-2	0,4	-2,18	0,18	Hs.7960	membe	0,92
2702.							Homo sapiens	
		_					clone 24877	
	CCTGAAAAGCT	-2	0,4	-2,18	0,18	Hs.3964	mRNA sequence	0,92
2703.							Homo sapiens,	
				,	1		Similar to	
	ATGGGGAGAGA	-2	0,4	-2,18	0,18	Hs.121676	hypothetical pr	0,92
2704.							programmed cell	
							death 4	
	GCACTTACAAA	-2	0,4	-2,18	0,18	Hs.326248	(neoplastic tran	0,92
2705.							hypothetical	
							protein	
				1			DKFZp762A227	
	GGAGCCAGCTG	-2	0,4	-2,18	0.18	Hs.279894		0,92
2706.			-,,				hypothetical	J,U2
							protein MGC861	
	GCTTCGTGCTG	-2	0,4	-2,18	0.18	Hs.208912		0,92
2707.		- -	0, 1		0,10	110.200012	major	0,02
							histocompatibilit	
	GAAGCAATAAA	-2	0,4	-2,18	0.40	Hs.198253		0.00
2708.	OMOOM IMA		0,4	-2,10	0,10	118.190200		0,92
2700.							similar to	l
	COTACTOTTTO	ام	0.4	0.40	0.40	11- 40000	Wiskott-Aldrich	
0700	GCTACTCTTTG	-2	0,4	-2,18	0,18	Hs.13996	syndrome prot	0,92
2709.						1	KIAA0592	
							protein	
	T00T0044000				١		[Swissprot:	i
0=10	TCCTCCAAGGC	-2	0,4	-2,18	0,18	Hs.13273	sp Q9UG79;	0,92
2710.							hypothetical	
							protein	
							FLJ20419	
	AACCCAAACTC	-2	0,4	-2,18	0,18	Hs.11184	[Swisspro	0,92
2711.	·						KIAA0153	
]					ļ		protein	ŀ
							[Swissprot:	-
	CAGTCCCCCTC	-2	0,4	-2,21	0,18	Hs.82563	sp Q14166;	0,90
2712.							mesoderm	
[•		1		development	
1							candidate 2	
<u> </u>	GTTAAAAAAAA	-2	0,4	-2,21	0.18	Hs.78871	[Swiss	0,90
2713.			- •	,			ESTs, Weakly	,00
							similar to	
l							T42697	
ļ	GAATTTGGGAT	-2	0,4	-2,21	0.18	Hs.301011	hypotheti	0,90
2714.					3,10	1.10.001011	dihydrolipoamid	0,50
	*** *** *** *** *** *** *** *** *** **						e S-	
	GCTTTGTATCC	່	0.4	-2,21	0.40	He 2062 40	succinyltransfera	0.00
2745	GUITIGIAICE	-2	0,4	-4,41	0,18	Hs.296348		0,90
2715.					l		Homo sapiens	
ł							cDNA:	**
	TOOOOOO	اء	ا م	~~			FLJ23270 fis,	_
	TGGGGCCGCAG	-2	0,4	-2,21		Hs.288455		0,90
2716.	GGGAACGGAGG	-2	0,4	-2,21	0,18	Hs.267831	Rho GTPase	0,90
_								

	TCAAGTCCAGA	2	0,4	-2,29	0,2	Hs.347527	none]	0,87
2732.			0,4	-2,25		Hs.154680	[Swissprot:	0,89
	CAGGGCGAGAT	-2	0.4	0.05	0.40	Uo 454000	protein [Swissprot:	0.00
2731.	AGAACTGGAAA	-2	0,4	-2,25	υ,19	Hs.16773	mRNA sequ DKFZP434M154	0,89
		_		:-			clone TCCCIA00427	
2730.	GACCATTTGAA	-2	0,4	-2,25	0,19	Hs.173497	Sec23 homolog B (S. cerevisiae) [Swissp Homo sapiens	0,89
2729.	TGGCTTATTAA	-2	0,4	-2,25	0,19	Hs.18021	protein FLJ20446 [Swisspro	0,89
2728.	GGGCTGGACGG	-2	0,4	-2,25	0,19	Hs.180338	hypothetical	0,89
2727.	,						tumor necrosis factor receptor	
2726.	ТТААТААААТА	-2	0,4	-2,25		Hs.2707	G1 to S phase transition 1 [Swissprot:	0,89
2725.	GAAGAACAAGT	-2	0,4	-2,25	0.19	Hs.28491	spermidine/sper mine N1- acetyltransferas e	0,89
0705	вттетесетте	-2	0,4	-2,25	0,19	Hs.320834	[Swissprot: sp Q9	0,89
2724.	ACCAGCIGICC	-2	0,4	-2,20	0,19	NS.340420	spiQ96DN6; nerve injury gene 283	0,89
2723.	ACCAGCTGTCC	-2	0,4	-2,25	0.10	Hs.348428	KIAA1887 protein [Swissprot:	0.80
2722.	TTGTGATACTA	-2	0,4	-2,25	0,19	Hs.175417		0,89
2721.	TCTGTTAATAA	-2	0,4	-2,25	0,19	Hs.89434	drebrin 1 [Swissprot: sp Q16643;sp Q 9UF	0,89
2720.	TGGTTGCGACA	-2	0,4	-2,21	0,18	Hs.101408	branched chain aminotransferas e 2, mitoc	0,90
2719.	GAGAGGACAGA	-2	0,4	-2,21	0,18	Hs.116875		0,90
2718.	AAAGTGGGTGG	-2	0,4	-2,21	0,18	Hs.146409		0,90
2717.	AAGATAAACTC	-2	0,4	-2,21	0,18	Hs.205736	KIAA1978 protein [Swissprot: splQ9BCN5;	0,90
							activating protein 5 [Swissp	

2722	1		1	T			evertoses	
2733.							exostoses (multiple)-like 3	
	CCACGTCCATC	-2	0,4	-2,29	0.2	Hs.9018	[Swissprot:	0,87
2734.	OOAOGTOOATO		0,4	-2,20	0,2	113.5010	POP4	0,0,
2,04.							(processing of	
							precursor, S.	
	TTTTCTGAGTG	-2	0,4	-2,29	0.2	Hs.82238	cerev	0,87
2735.	1111010/1010		0,-1			110.0LL00	ubiquitin specific	0,07
2,00.							protease 7	
	CTCACTAGTGG	-2	0,4	-2,29	0.2	Hs.78683	(herpes vi	0,87
2736.	0.10/101/10100		<u> </u>			. 10.7 0000	LPS-induced	0,01
							TNF-alpha factor	
	TGAATACTACT	-2	0,4	-2,29	0.2	Hs.76507	[Swissprot	0,87
2737.							Homo sapiens	
_,,,,							cDNA:	
							FLJ22128 fis,	
	GAAAGATTGGA	-2	0,4	-2,29	0.2	Hs.5076	clone H	0,87
2738.				,			EST, Moderately	
							similar to	
							ABP2 HUMAN	
	GCCCAGGGACC	-2	0,4	-2,29	0.2	Hs.195464		0,87
2739.							CGI-121 protein	
							[Swissprot:	
	GAAGGCACCAT	-2	0,4	-2,29	0,2	Hs.26706	sp Q9H3K4;s	0,87
2740.							chromosome 22	······································
							open reading	
Ì	GATGAGCGGCT	-2	0,4	-2,29	0,2	Hs.227637	frame 2 [Swi	0,87
2741.	,						transforming,	
							acidic coiled-coil	
	CTGGACTCCGC	-2	0,4	-2,29	0,2	Hs.173159	contain	0,87
2742.							hypothetical	
							protein	
	:					'	FLJ13117	
	GAAGGTAGTGC	-2	0,4	-2,29	0,2	Hs.152982	[Swisspro	0,87
2743.							hypothetical	
İ				1			protein	
							FLJ10461	
	TATGTGCCACT	-2	0,4	-2,29	0,2	Hs.122579	[Swisspro	0,87
2744.						1	mitochondrial	
				,			ribosomal	
	ACTGCTGTCTA	-2	0,4	-2,29	0,2	Hs.10724	protein S35 [Sw	0,87
2745.							heterogeneous	
					1		nuclear	
l	*					İ	ribonucleoprotei	
	AATCTGGTTGC	-2	0,4	-2,29	0,2	Hs.103804	n	0,87
2746	•						POM (POM121	
			1				rat homolog)	
	AAGTAGAGCAG	-2	0,4	-2,33	0,21	Hs.296380	and ZP3 fusion	0,86
2747							optic atrophy 3	
							(autosomal	*** * * * *
1	AGGTGGAGGTT	-2	0,4	-2,33	0,21	Hs.288842	recessive, wi	0,86
2748	•						sorting nexin 6	
							[Swissprot:	
L	TATCCTGGTAA	-2	0,4	-2,33	0,21	Hs.284291	sp Q9BUY3;s	0,86
2749							mitochondrial	
1							ribosomal	
	GAGCACATCAG	-2	0,4	-2,33	0,21	Hs.23450	protein S25 [Sw	0,86
2750	CGACCCTCTCC	-2	0,4	-2,33	0,21	Hs.218842	glutamate rich	0,86
12100	OCHOCOTOTOC		. 1 0.4	-2.00	U.Z.I	1 DS.Z 1004Z	i gigiannaic non 👚	U.OO

	······································	——					lvars .	
							WD repeat protein GRWD [
2751.							F-box only	
		i					protein 21	
	,						[Swissprot:	
	GTCTTCAAAGA	-2	0,4	-2,33	0,21	Hs.184227		0,86
2752.							phosphoglycerat	
							e kinase 1	
	GAGGAAGGCTC	-2	0,4	-2,37	0,22	Hs.78771	[Swissprot: s	0,84
2753.							3'-	
							phosphoadenosi	
							ne 5'-	
	ATTITTTCAAG	-2	0,4	-2,37	0.22	Hs.3833	phosphosulfate	0,84
2754.	ATTITIOAAG	-2	0,4	-2,37	0,22	П8.3033	Sy ESTs, Highly	0,84
2704.							similar to	•
						· ·	YMN1_HUMAN	
	ACCAGGCAAGG	-2	0,4	-2,37	0,22	Hs.93871	Putat	0,84
2755.							amyloid beta	
							(A4) precursor	
	GCCCCGGAGCC	-2	0,4	-2,37	0,22	Hs.17528	protein-bind	0,84
2756.							nuclear factor	
	TOTATOOOOTO				0.00		(erythroid-	
2757.	TGTATGCCGTC	-2	0,4	-2,4	0,22	Hs.83469	derived 2)-lik	0,83
2/5/.							uncharacterized	
	CACTTCCTCCT	-2	0,4	-2,4	0.22	Hs.6375	hypothalamus protein HT0	0,83
2758.	0/10/100/		0,7		0,22	118.0373	KIAA1885	0,03
							protein	
							[Swissprot:	
<u> </u>	GAGCTGCAGGG	-2	0,4	-2,4	0,22	Hs.6294	splQ96GN2;	0,83
2759.							ESTs, Highly	
							similar to	
						l	T46366	
2760.	TGATGATGTTG	-2	0,4	-2,4	0,22	Hs.4745	hypotheti	0,83
2/60.							step II splicing factor SLU7	
	GAGCTGCATCA	-2	0,4	-2,4	0.22	Hs.76325	[Swissprot	0,83
2761.	CAGGAGGATGA		0,7			113.10320	hypothetical	0,03
						,	protein	
							FLJ20958	
	CTTGAGTCACA	-2	0,4	- <u>2,</u> 4	0,22	Hs.261023	[Swisspro	0,83
2762.							endothelin 1	
							[Swissprot:	
	CTTTGTTTTGC	-2	0,4	-2,4	0,22	Hs.2271	sp P05305;sp Q	0,83
2763.							hypothetical	
							protein	
	AGTTTGGGCTG	-2	0,4	-2,44	0.23	Hs.9911	FLJ11773 [Swisspro	0,82
2764.			0,4	۵,77	0,20	110.0011	protein	∪,0∠
							phosphatase	
							methylesterase-	
	GTCCGGAGTCT	-2	0,4	-2,44	0,23	Hs.63304	1 [S	0,82
2765.							proline	
							synthetase co-	
							transcribed	
0700	GTGGCTGAGGT	-2	0,4	-2,44		Hs.301959		0,82
2766	TGGTTTTGTAT	-2	0,4	-2,44	0,23	Hs.184339	likely ortholog of	0,82

							maternal	
2767.							embryonic le	
2,01.							Homo sapiens cDNA:	
							FLJ21482 fis,	
	GTGTGGGAGAT	-2	0,4	-2,44	0,23	Hs.16331	clone C	0,82
2768.				-1-			choline kinase	
		i					[Swissprot:	
0=00	CGTGGCCACGG	-2	0,4	-2,48	0,24	Hs.77221	sp P35790;]	0,81
2769.							zinc finger	
	GTGGGGAGGAC	-2	0,4	-2,48	0.24	Hs.7165	protein 259	0.04
2770.	010000,100,10		- 0,7	-2,70	0,24	118.7100	[Swissprot: sp hypothetical	0,81
	,						gene MGC1127	
	TTCTTTGGGAA	-2	0,4	-2,48	0,24	Hs.346945	[Swissprot: s	0,81
2771.							UDP-	
1							Gal:betaGlcNAc	
	040404040					l. <i>.</i>	beta 1,4-	
2772.	GAGAGAAGAGT	-2	0,4	-2,48	0,24	Hs.321231		0,81
2112.							zinc finger protein 83	
							(HPF1)	
	ATTTTGTCGTG	-2	0,4	-2,48	0,24	Hs.305953		0,81
2773.							hypothetical	
							protein	
	007000000					l. <i>.</i>	FLJ10140	
2774	GCTGGGCGGCT	-2	0,4	-2,48	0,24	Hs.250671		0,81
2774.							Homo sapiens,	
İ	TATTCACTAAA	-2	0,4	-2,48	0.24	Hs.21858	Similar to serine (or cyst	0,81
2775.	17411074017444		0,1	2,70	0,27	113.21000	zinc finger	0,01
							protein 144 (Mel-	
	GGCCTCCAGCC	-2	0,4	-2,48	0,24	Hs.184669		0,81
2776.							Homo sapiens	
							cDNA;	
	AGGAATGGTAG	-2	0,4	-2,48	0.24	 Uo 47270E	FLJ22050 fis,	0.04
2777.	AGGARIGGIAG	-2	0,4	-2,40	0,24	Hs.173705	protein	0,81
							phosphatase 1,	
	ATCCGGACCCT	-2	0,4	-2,52	0,25	Hs.76556	regulatory (inhib	0,79
2778.							ESTs,	
							Moderately	
İ	0070700000		0.4	0.50			similar to GBEC	
2779.	GCTCTCGGCGG	-2	0,4	-2,52	0,25	Hs.326048		0,79
2119.							ADP-ribosylation factor-like 3	
	AACTGGGTCTG	-2	0,4	-2,52	0.25	Hs.182215		0,79
2780.			<u> </u>	_,02	0,20	1.10.102210.	binder of Arl Two	0,78
							[Swissprot:	
<u></u>	AGTAAAAAAAA	-2	0,4	-2,56	0,26	Hs.9552	splQ9Y2Y0	0,78
2781.							Homo sapiens	
	TTACTCCCTAC	ام	ا م	0.50			cDNA FLJ31763	
2782.	TTACTGCCTAG	-2	0,4	-2,56	0,26	Hs.12921	fis, clone NT	0,78
2102.	CACAAGCTTCA	-2	0,4	-2,56	0.26	Hs.348150	EST [Swissprot: none]	0.70
2783.	5, 10, 11001107		0,4	2,55	U,ZU	1 13.340 130	ESTs	0,78
	I .						[Swissprot:	
1	<u> </u>							
	TATGGTACCAA	-2	0,4	-2,56	0,26	Hs.332869	none]	0,78

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 193

2784.						T	mitochondrial	
							elongation factor	
	ACACTTCTTGG	-2	0,4	-2,56	0,26	Hs.274543		0,78
2785.							calcium/calmodu	
	CAGCCCTCCCG	-2	0,4	-2,56	0.26	Hs.313643	lin-dependent	0.70
2786.	0/1000010000		0,4	-2,30	0,20	□S.3 13043	protein kin solute carrier	0,78
							family 7 (cationic	
	AAAACAAAAAA	-2	0,4	-2,56	0,26	Hs.10315	amino	0,78
2787.							cytochrome b-	
	TGGGAAAACTC	-2	0,4	-2,6	0.27	Hs.339673	561 [Swissprot: sp P49447;	0.77
2788.	1000/11/010	-2	0,4	-2,0	0,27	⊓5.339073	signal	0,77
							recognition	,
	0.17	_					particle 68kD	
2789.	GATTTGAAATG	-2	0,4	-2,6	0,27	Hs.273307		0,77
2709.							chromosome 5 open reading	
	AGGTTTTGCCT	-2	0,4	-2,6	0,27	Hs.102469	frame 6 [Swis	0,77
2790.							hypothetical	0,11
							protein	
	CACCTTCTGCC	-2	0,4	-2,63	0.07	He SEGARA	LOC56912	0.70
2791.	OACCI ICIGCC	-2	0,4	-2,03	0,27	Hs.350454	transcriptional	0,76
							coactivator	
	TAAAGGTTTTT	-2	0,4	-2,63	0,27	Hs.241520		0,76
2792.							visinin-like 1	
	ссттттеветт	-2	0,4	-2,63	0.27	Hs.2288	[Swissprot:	0.70
2793.	00111100011	-2	0,4	-2,03	0,27	П8.2200	sp[P28677;] UBX domain-	0,76
							containing 1	
0704	GGTCCCGTTCC	-2	0,4	-2,63	0,27	Hs.11081	[Swissprot: sp]	0,76
2794.			•				(Manual	
							assignment) IGFBP5 insulin-	
	ACAAAAGACAA	-2	0,4	-2,63	0,27	Hs.107169		0,76
2795.				-			RNA helicase-	
	TA 00 A A A 0 A 0 0			0.07			related protein	
2796.	TAGGAAACACC	-2	0,4	-2,67	0,28	Hs.8765	[Swissprot	0,75
2730.					-		Homo sapiens cDNA FLJ12097	
	AGATCGAGACC	-2	0,4	-2,67	0,28	Hs.287485	fis, clone HE	0,75
2797.							GLI-Kruppel	
ļ	CCACOTOTOOO		0.4	0.07			family member	
2798.	CCACGTGTCCG	-2	0,4	-2,67	0,28	Hs.239451	GLI4 [Swisspr KIAA1882	0,75
-, 55.							protein	
	,						[Swissprot:	ļ
0700	TCTGCAAGCAG	-2	0,4	-2,67	0,28	Hs.157240	sp Q96Q05;	0,75
2799.							hypothetical	
							protein FLJ10849	
	GAGGACTTGCG	-2	0,4	-2,71	0.29	Hs.8768	[Swisspro	0,74
2800.							H2.0-like homeo	<u>~,, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,</u>
							box 1	
	GGCTGGGTTTT	9	ا ۸	2 74	0.00	He 74070	(Drosophila)	
2801.		-2 -2	0,4 0,4	-2,71 -2,71		Hs.74870	[Swi	0,74
	1.10/100/10000	-2	0,4	~ <u>∠,/ </u>	0,29	Hs.63243	Homo sapiens,	0,74

— т		T						
							clone IMAGE:4251653 , mRNA,	
2802.							MMS19-like	
							(MET18	
	GCTGTACAAAG	-2	0,4	-2,71	0.29	Hs.288891	homolog, S. cerevisiae	0,74
2803.							hypothetical	
							protein FLJ20343	
	AAGGAAGATTG	-2	0,4	-2,71	0,29	Hs.252692		0,74
2804.							calponin 3,	
							acidic [Swissprot:	
	ATCAGTGTGAA	-2	0,4	-2,71	0.29	Hs.194662		0,74
2805.							Rab9 effector	
	1	ا		2.74	0.00	115 40040	p40 [Swissprot:	0.74
2806.	AGGAAAGCCAG	-2	0,4	-2,71	0,29	Hs.19012	sp O00568 hypothetical	0,74
							protein	
	0.4700007700			0.74	0.00		BC011840	
2807.	GATGGGGTTCC	-2	0,4	-2,71	0,29	Hs.106597	[Swisspro protein	0,74
2001.							phosphatase 1,	
		_					regulatory	
2808.	CACTGCCTTTG	-2	0,4	-2,71	0,29	Hs.106019		0,74
2000.							ribosome binding protein 1	
	TCGGTTACAAG	-2	0,4	-2,75	0,3	Hs.98614	homolog 180kD	0,73
2809.							proteasome	
							(prosome, macropain) 26S	
	TAATCTTTACT	-2	0,4	-2,75	0,3	Hs.90744	subu	0,73
2810.							fragile X mental	
	TTAGTCTTCAG	-2	0,4	-2,75	0.3	Hs.82712	retardation, autosomal	0,73
2811.					0,0	TIO.OZI TZ	claudin 12	0,70
,							[Swissprot:	
2812.	GGAGAGAAAAC	-2	0,4	-2,75	0,3	Hs.258576	sp[P56749;] FYN oncogene	0,73
2012.							related to SRC,	
	TTTTAACAAAA	-2	0,4	-2,75	0,3	Hs.169370	FGR, YES [0,73
2813.							hypothetical	
							protein FLJ21172	
	CACTGTGTGTA	-2	0,4	-2,75	0,3	Hs.164207		0,73
2814.							KH domain	
	AGGGGAAAATA	-2	0,4	-2,75	0.3	Hs.119537	containing, RNA binding, signa	0,73
2815.				2,70	0,0	113.113301	mitochondrial	0,73
							ribosomal	
2816.	TCCTTTGTGCC	-2	0,4	-2,79	0,31	Hs.50252	protein L32 [Sw	0,72
2010.	[protease, serine, 23 [Swissprot:	
	CCTGTCTGCAC	-2	0,4	-2,79	0,31	Hs.25338	splO95	0,72
2817.	•						Homo sapiens	
	AGTGTGCGCTT	-2	0,4	-2,82	0.31	Hs.83086	cDNA FLJ32847 fis, clone TE	0,71
		·	·					-,,,

2818.	ı	ı	· I				bromodomain	
2010.		j					adjacent to zinc	
	CGCCGCTTCTT	-2	0,4	-2,82	0,31	Hs.277401	finger doma	0,71
2819.	-						RAB2, member	
	.==.					l	RAS oncogene	
2020	GTCATTATGCT	-2	0,4	-2,86	0,32	Hs.78305	family [Swiss	0,70
2820.					-		phosphorylase,	
	AATCCAAAGGC	-2	0,4	-2,86	0.32	Hs.771	glycogen; liver (Hers dis	0,70
2821.	74100744000		0,-	-2,00	0,02	113.771	Homo sapiens	0,70
							mRNA; cDNA	
						1	DKFZp761J052	
	GAGCCATAGAA	-2	0,4	-2,86	0,32	Hs.172572	3 (f	0,70
2822.	,	-					hypothetical	,
							protein MGC3103	
	GGGGGCTGCTC	-2	0,4	-2,86	0.32	Hs.115960		0,70
2823.	0000010010	- -	<u> </u>	2,00	0,02	113.110000	spinocerebellar	0,70
							ataxia 2	
	AACACATCAGC	-2	0,4	-2,9	0,33	Hs.76253	(olivopontocere	0,69
2824.		-					prolylcarboxypep	
							tidase	
	AATGTGATTTC	-2	0,4	-2,9	V 33	Hs.75693	(angiotensinase C	0,69
2825.	ANGIGATIO		0,4	-2,5	0,55	113.73093	Homo sapiens	0,08
						į	cDNA FLJ31079	
	TCTGCTTTTGA	-2	0,4	-2,9	0,33	Hs.306000	fis, clone HS	0,69
2826.							ESTs, Weakly	
							similar to	
	CTGAAAACCAC	-2	0,4	-2,9	0.22	Un 200502	ubiquitous TPR	0.00
2827.	CTGAAAACCAC	-2	0,4	-2,9	0,33	Hs.288582	m aspartyl	0,69
2027.							aminopeptidase	
	CACTCTATCCG	-2	0,4	-2,9	0,33	Hs.258551	[Swissprot: sp]	0,69
2828.							hypothetical	
							protein	
1	AATTOTOTAAA	_	0.4	0.0	0.00	11- 044575	CAB56184	0.00
2829.	AATTCTGTAAA	-2	0,4	-2,9	0,33	Hs.241575	tetracycline	0,69
2029.							transporter-like	
	GGTACACTGCG	-2	0,4	-2,9	0,33	Hs.157145	1 . i - 1	0,69
2830.							decay	
							accelerating	
						l	factor for	
2024	GGCTTGCTGAC	-2	0,4	-2, 9	0,33	Hs.1369	complement	0,69
2831.							GTP cyclohydrolase I	
							feedback	
	TTCCTCGGGCA	-2	0,4	-2,94	0.34	Hs.83081	regulatory	0,68
2832.							golgi apparatus	- 5,55
					`		protein 1	
	TCTGGACCGGC	-2	0,4	-2,94	0,34	Hs.78979	[Swissprot: s	0,68
2833.							ESTs	
	AGTCGCCTTCA	-2	0.4	-2,94	024	Un 7044	[Swissprot:	0.00
2834.	AGIOGOCITOA		0,4	-2,94	0,34	Hs.7811	none] FLJ00005	0,68
2004.			ŀ				protein	
	GATTTTCTACT	-2	0,4	-2,94	0,34	Hs.17969	[Swissprot:	0,68
		·						-,]

							10==4=0	
							sp 075152;	•
2835.	TTGGCCGGGCT	-2	0,4	-2,94	N 34	Hs.248488	EST [Swissprot: none]	0,68
2836.	1100000001		0,1	-2,04	0,04	113.270700	ADP-ribosylation	0,00
							factor GTPase	
	GGCTCAGGGCT	-2	0,4	-2,94	0,34	Hs.13014	activatin	0,68
2837.							hypothetical	
					v		protein	
	GCTTCCGGCCC	-2	0,4	-2,98	0.35	Hs.19165	DKFZp761H171 0 [Swi	0,67
2838.	00110000000		0,7	-2,30		118.18100	adaptor-related	0,07
							protein complex	
	AAGATCATTGA	-2	0,4	-2,98	0,35	Hs.18894	1, mu 2	0,67
2839.							eukaryotic	
							translation	
2040	ATACATTTAGG	-2	0,4	-3,01	0,36	Hs.77324	termination facto	0,66
2840.							ESTs, Moderately	
							similar to	
	GTTGAGTAACA	-2	0,4	-3,01	0.36	Hs.182426		0,66
2841.					· · · · · ·		gamma-	
ĺ							glutamyltransfer	
	070000000						ase-like 3	
2842.	CTGGCCCCGAG	-2	0,4	-3,01	0,36	Hs.343357		0,66
2042.		-					mitochondrial solute carrier	
	стттттстст	-2	0,4	-3,01	0.36	Hs.300496		0,66
2843.				0,01	0,00	110.000100	v-ral simian	0,00
ŀ							leukemia viral	
	TACGATGAGTT	-2	0,4	-3,01	0,36	Hs.288757	<u> </u>	0,66
2844.							EST, Weakly	
							similar to	
	GTGAGACCCCC	-2	0,4	-3,01	0.36	Hs.259537	ALUB_HUMAN	0,66
2845.	GTGAGACCCCC		0,4	-0,01	0,30	⊓8.20903 <i>1</i>	heterogeneous	0,00
-0.0.							nuclear	
						1	ribonucleoprotei	
	CAACTTTAGGG	-2	0,4	-3,01	0,36	Hs.170311		0,66
2846.							MCM4	
	•	*		·			minichromosom	
	GCTACTATTAG	-2	0,4	-3,01	0.36	Hs.154443	e maintenance deficien	0,66
2847.	COTACTACTAC		0,7	-0,01	0,30	118.104443	hypothetical	0,00
							protein	
							FLJ13110	
	TCTGTAGTCCC	-2	0,4	-3,05	0,36	Hs.7358	[Swisspro	0,66
2848.		ŀ					proteasome	
1							(prosome,	
	AAATTGTTCCA	-2	0,4	-3,05	U-36	Hs.346918	macropain) subunit,	- n ee
2849.	/ VALIGITOUA		- 0,4	-3,03	0,30	1118.040810	sema domain,	0,66
-0,70.							transmembrane	-
	CCACGTGGCTG	-2	0,4	-3,05	0,36	Hs.148932		0,66
2850.							BTB domain	
	000000000	_					protein BDPL	
2054	CCACCTGCTTT	-2	0,4	-3,09	0,37	Hs.7367	[Swissprot: sp	0,65
2851.	AGCACTGTACT	-2	0,4	-3,09	0,37	Hs.6375	uncharacterized hypothalamus	0.65
L	MODAGIGIAGI	<u></u>	0,4	3,08	<u> </u>	1118.03/0	пуроптатанно	0,65

							protein HT0	
2852.							WD repeat domain 18	
	CCTCCCAGCAA	-2	0,4	-3,09	0,37	Hs.325321		0,65
2853.							transient receptor	
	CCCGGCTCCTC	-2	0.4	2.00	0.27	11- 24600	potential cation	0.05
2854.	CCCGGCTCCTC	-2	0,4	-3,09	0,37	Hs.31608	chan claudin 11	0,65
	GTTTTCCTGAA	-2	0,4	-3,09	0,37	Hs.31595	(oligodendrocyte transmembran	0,65
2855.	011110010/07		0,4	-0,00	0,07	119.51555	chromobox	0,00
			·				homolog 6 [Swissprot:	,
0050	GGGGCAGGTC	-2	0,4	-3,09	0,37	Hs.107374	sp Q96E	0,65
2856.							bromodomain containing 2	
2857.	AACAACTGGCT	-2	0,4	-3,13	0,38	Hs.75243	[Swissprot: sp	0,64
2007.							cleavage stimulation	
	CAGCTCTGAGA	-2	0,4	-3,13	U 38	Hs.172865	factor, 3' pre- RNA,	0,64
2858.	O/1001010A		0,7	-0,10	0,00	113.172000	N-	0,04
			T.			•	ethylmaleimide- sensitive factor	-
	TGTAACAATAA	-2	0,4	-3,13	0,38	Hs.12600	attach	0,64
2859.							hypothetical protein	
							MGC3047	
2860.	TGGGACTCCAG	-2	0,4	-3,17	0,39	Hs.59384	[Swissprot solute carrier	0,63
							family 39 (zinc	
2861.	CTCCCGGCGAT	-2	0,4	-3,17	0,39	Hs.72289	transport optineurin	0,63
							[Świssprot:	
	GGGCGAGAACA	-2	0,4	-3,17	0,39	Hs.278898	sp Q96CV9;sp Q 9U	0,63
2862.							ESTs (Swiggpret)	
	AGTATGCCACT	-2	0,4	-3,17	0,39	Hs.110418		0,63
2863.							ESTs, Weakly similar to	
							RIKEN cDNA	
2864.	AAAACATCCAG	-2	0,4	-3,21	0,4	Hs.279789	2410 hypothetical	0,62
							protein	
	GACATTTGTCC	-2	0,4	-3,21	0.4	Hs.184870	FLJ14154 [Swisspro	0,62
2865.							H2B histone	
	AACTCCTTCGT	-2	0,4	-3,21	0,4	Hs.137594	family, member C [Swissprot	0,62
2866.							immortalization-	,
	GAGTTCGACCT	-2	0,4	-3,24	0,4	Hs.348553	upregulated protein [Sw	0,62
2867.							retinoic acid	
	CCTCCAGCAGC	-2	0,4	-3,24	0,4	Hs.17466	receptor responder	0,62

	CACGTTCCCTA	-2	0,4	-3,43	0,45	Hs.74579	hexaphosphate kinase 1 [Swissp	0,58
2881	CCTGAAGAAGT	-2	0,4	-3,43	0,45	Hs.78948	Rab geranylgeranyltr ansferase, beta subu inositol	0,58
2880	GGCTCCTTGAG	-2	0,4	-3,4	0,44	Hs.283741		0,59
2879	GTGAAACCCTT	-2	0,4	-3,4	0,44	Hs.206955	similar to 2109260A B cell g	0,59
	TTTCCACTTAA	-2	0,4	<i>-</i> 3,36	0,43	Hs.101813	family 9 (sodium/hydroge	0,60
2877.	GTTCACTGCAG	-2	0,4	-3,36	0,43	Hs.168383	intercellular adhesion molecule 1 (CD54) solute carrier	0,60
2876.	GCATTGAGTGT	-2	0,4	-3,36		Hs.301553	karyopherin alpha 6 (importin alpha 7)	0,60
2875.	TGTGATCACAA	-2	0,4	-3,36	0.43	Hs.9661	proteasome (prosome, macropain) subunit,	0,60
2874.	TTTCTGGAGGT	-2	0,4	-3,32	0,42	Hs.129943	KIAA0545 protein [Swissprot: splO60292;	0,60
2873.	CATTTATCATC	-2	0,4	-3,32	0,42	Hs.227777	protein tyrosine phosphatase type IVA, m	0,60
2872.	GAGCGGCTCTG	-2	0,4	-3,32	0,42	Hs.229950	KIAA0415 gene product [Swissprot: sp O4	0,60
2871.	ACATTTCAATT	-2	0,4	-3,32		Hs.336429	GABA(A) receptor- associated	0,60
2870.	GCAGAGATGGG	-2	0,4	-3,32		Hs.39850	uridine kinase- like 1 [Swissprot: sp Q9	0,60
2869.	GTTGCAGATAA	-2	0,4	-3,28	0,41	Hs.100293	O-linked N- acetylglucosami ne (GlcNAc) tr	0,61
2868.	ACAGACTGATA	-2	0,4	-3,28	0,41	Hs.98541	hypothetical protein CLONE24922 [Swissp	0,61
		Т		T			(tazaro	

2883.							protein phosphatase 2		
İ							(formerly 2A),		
	CTATGGGATTT	-2	0,4	-3,43	0,45	Hs.179574	reg	0,58	
2884.			j				endothelial and smooth muscle		
	TACTGTAGTCA	-2	0,4	-3,43	0.45	Hs.173374	smooth muscle cell-deriv	0,58	
2885.	IACIGIAGICA		0,4	-0,40	0,40	115.170074	ATP-binding	0,00	
2003.							cassette, sub-		
Ì	AAGGTGGAGTG	-2	0,4	-3,47	0.45	Hs.9573	family F (GCN2	0,58	
2886.		_	-,.	-1	-,		L-3-hydroxyacyl-		
							Coenzyme A		
	AGAAATCACTG	-2	0,4	-3,47	0,45	Hs.8110	dehydrogenase	0,58	
2887.							hypothetical		
	,						gene supported		
	ACCCGCGAGGA	-2	0,4	-3,47	0,45	Hs.170294	by BC009520	0,58	
2888.	-						CD36 antigen		
	TOOOCTOTOAA		0.4	ا م حما	0.40	11- 202507	(collagen type I	0.57	
2002	TGGGCTCTGAA	-2	0,4	-3,51	0,46	Hs.323567	receptor,	0,57	
2889.							hypothetical protein		
							protein [Swissprot:		
	TTGCGGAGCCC	-2	0,4	-3,51	0.46	Hs.199695		0,57	
2890.	110000/10000		0,-1	-0,01	0,40	110.100000	cell division	0,01	
2000.	٠						cycle 42 (GTP		
	CCTTGCTTTTA	-2	0,4	-3,51	0,46	Hs.146409		0,57	
2891.							suppressor of Ty		
							6 homolog (S.		
	AGTCTCCCCTA	-2	0,4	-3,51	0,46	Hs.12303	cerevisia	0,57	
2892.							Homo sapiens,		
							Similar to	1	
		_	١				LOC146557,		
0000	CCTCCCCTGCA	-2	0,4	-3,55	0,47	Hs.14068	clon	0,56	
2893.						l .	Homo sapiens		
	TTTTTCAATCA	-2	0.4	-3,55	0.47	Hs.169387	cDNA FLJ31586 fis, clone NT	0,56	
2894.	TTTTTCAATCA	-2	0,4	-3,55	0,47	ПS. 109361	P450	0,56	
2054.							(cytochrome)		
							oxidoreductase		
	CCTCTGGAGGC	-2	0,4	-3,55	0.47	Hs.167246	1	0,56	
2895.				1			proteasome		
					ĺ		(prosome,		
							macropain) 26S		
	GTTTGAAGGGA	-2	0,4	-3,55	0,47	Hs.155543		0,56	
28 96.	-					1	ESTs, Highly		
							similar to		
	ACCACAATAA		0.4	2.50	0.40	Ho 242475	KHHUD	0.50	
2897.	ACCACAAATAA	-2	0,4	-3,59	0,48	Hs.343475	cathepsin breast cancer	0,56	
∠09 <i>1</i> .	1						anti-estrogen	1	
	CACCACGGGCC	-2	0,4	-3,59	0.48	Hs.273219		0,56	
2898			J.,-	0,00	3,40	10.270210	hypothetical	0,00	
_000	1						protein		
							FLJ10111		
·	GCTCCAGCCAT	-2	0,4	-3,59	0.48	Hs.1706	[Swisspro	0,56	
		1		<u> </u>	,		huntingtin		
2899			1		i			1	
2899				-3,59		1	interacting protein 2 [Swiss		

0000							CONF	
2900.				ł	ŀ		GCN5 general	•
	00770700400	ام	0.4	0.50	0.40	LI- 404007	control of amino-	0.50
	CCTTGTCCAGC	-2	0,4	-3,59	0,48	Hs.101067	acid synth	0,56
2901.		·					B-cell	
			1				CLL/lymphoma	
							7C [Swissprot:	
	GCCGGCCGGAC	-2	0,4	-3,63	0,49	Hs.303197	sp O	0,55
2902.							(Manual	
							assignment)	1
							Palladin, minor	
	AAACTTTGCCT	-2	0,4	-3,63	0,49	Hs.194431	(int	0,55
2903.							death	
							associated	
			ŀ				protein 3	
	TGAGGAAGACA	-2	0,4	-3,63	0,49	Hs.159627	[Swissprot:	0,55
2904.							F-box and	
		İ	•				leucine-rich	
	TCGGGAGCTGG	-2	0,4	-3,63	0.49	Hs.12271	repeat protein 6	0,55
2905.					-,		valosin-	,
		-					containing	
ŀ							protein	
	CGCTTTGCGCG	-2	0,4	-3,63	0.49	Hs.106357	[Swissprot:	0,55
2906.	00011100000			-0,00	0,40	113.100507	LIM protein	0,00
2900.							(similar to rat	
	TACTTOCCACO	اد		2 66	0.5	Un 154102	protein kina	0.55
0007	TACTTGGGAGG	-2	0,4	-3,66	0,5	HS.154103		0,55
2907.	İ						syndecan 1	
							[Swissprot:	0.54
	CTGAGGCCTGG	-2	0,4	-3,7	0,5	Hs.82109	sp[P18827;]	0,54
2908.							chromosome 16	
							open reading	5 = 4
	GCCTCCTGTCA	-2	0,4	-3,7	0,5	Hs.7765	frame 5 [Swi	0,54
2909.							KIAA1856	
							protein	
}							[Swissprot:	
	TTCAGGGCTTC	-2	0,4	-3,7	0,5	Hs.286236	sp P55010;	0,54
2910.							EST, Moderately	
							similar to	
	GCTTTTTCAAA	-2	0,4	-3,74	0,51	Hs.252338	810024C cytoc	0,53
2911.					,		interferon-	
	1						related	
							developmental	
	GGGTGGGTAGC	-2	0,4	-3,74	0,51	Hs.315177	regulat	0,53
2912.							guanine	
							nucleotide	
						1	binding protein	
	CTGTAGAAATG	-2	0,4	-3,74	0,51	Hs.215595		0,53
2913.			0,1		3,01	1.5.2.5550	ubiquitin-	
12010.							conjugating	
	1					1	enzyme E2D 3	
I	AATGAATAAAA	2	0,4	-3,74	0.54	Hs.118797		0,53
2014		-2	0,4	-3,14	0,01	113.110/9/	short-chain	· 0,00
2914.	·	·						
	CTTCTCCTCCC	اما	0.4	2 00	, 0 =0	LIG 47444	dehydrogenase/r	0.50
0015	CTTCTGCTGGG	-2	0,4	-3,82	0,53	Hs.17144	eductase 1 [0,52
2915	•						Homo sapiens,	
		1					clone	
1						1	IMAGE:2989556	
	GCTGGAGCGCC	-2	0,4	-3,82		Hs.12284	, mRNA,	0,52
2916	GTGGAAGACGA	-2	0,4	-3,85	0,54	Hs.80395	mal, T-cell	0,52

				Т			differentiation	
					,		protein [Sw	
2917.							likely ortholog of	
							mouse	
2040	ATTTGCCTCTG	-2	0,4	-3,85	0,54	Hs.7393	synembryn [Swi	0,52
2918.				ŀ			hypothetical	
							protein LOC57333	
[TTTGTGGGCAG	-2	0,4	-3,85	0.54	Hs.39619	[Swisspro	0,52
2919.			-,.,	,	-,		glucosidase,	0,02
							alpha; acid	
	CGGGTAGTATT	-2	0,4	-3,85	0,54	Hs.1437	(Pompe disease,	0,52
2920.		1	1	1	,		phospholipid	
	GCACTTTGAGG	-2	0,4	-3,85	0.54	⊔ ₆ 102202	scramblase 3 [Swissprot: s	0.50
2921.	GOACITICAGG		0,4	-3,05	0,54	HS. 103362	mitochondrial	0,52
2021.							ribosomal	
	GAAACCCTCAC	-2	0,4	-3,89	0,54	Hs.75859	protein L49 [Sw	0,51
2922.							DKFZP566H073	·
							protein	
	CCTACCACACC		ارما	2 00	0.54	11- 7450	[Swissprot:	0.54
2923.	CCTACCACAGC	-2	0,4	-3,89	0,54	Hs.7158	sp Q9H eukaryotic	0,51
2825.							translation	
	AGGAACACAAA	-2	0,4	-3,89	0.54	Hs.334437		0,51
2924.				- 1			CGI-36 protein	
,							[Swissprot:	
	GCAACCACGAC	-2	0,4	-3,89	0,54	Hs.182986	 	0,51
2925.							transcription	
,	TCCTGCCCTCA	-2	0,4	-3,93	0.55	Hs.80598	elongation factor	0.54
2926.	TOOTGOOGTOA	-2	0,4	-3,93	0,55	HS.00596	A (SII), protein	0,51
							phosphatase 3	
							(formerly 2B),	
	AAAACTTTGTC	-2	0,4	-3,93	0,55	Hs.272458	cat	0,51
2927.							BAI1-associated	
	AGGGACATAAA	-2		202	0.55	11- 404040	protein 3	0 = 4
2928.	AGGGACATAAA	-2	0,4	-3,93	0,55	Hs.134846	[Swissprot: s uncharacterized	0,51
2020.							hematopoietic	
	GAGGATTTGGG	-2	0,4	-3,97	0,56	Hs.43549	stem/proge	0,50
2929.							Homo sapiens	
				_			pRGR1 mRNA,	
0000	CTTGATTAAAC	-2	0,4	-3,97	0,56	Hs.348420		0,50
2930.							nesca protein	
	CTGTACTAGGT	-2	0,4	-3,97	0.56	Hs.226499	[Swissprot: sp[Q9BT86;sp]	0,50
2931.	0101710171001		0,7	-5,57	0,30	115.220499	thimet	0,50
							oligopeptidase 1	
	CTGAGGCGCTT	2	0,4	-4,01	0,57	Hs.78769	[Swissprot: sp	0,50
2932.							coated vesicle	· · · · · · ·
		_					membrane	
0000	AAAACCTGTAA	-2	0,4	-4,01	0,57	Hs.75914	protein [Swissp	0,50
2933.							signal	
							recognition particle receptor	
	ттессеттест	-2	0,4	-4,01	0.57	Hs.75730	('d	0,50
1					-101	5. 55	\	0,00
2934.	GTGGCGCGCAC	-2	0,4	-4,01	0,57	Hs.346741	ribosomal	0,50

							anatain 040	
			İ				protein S19 [Swissprot:	
							splP3	
2935.							Homo sapiens	
2000.			1				clone	
							CDABP0028	
	AGTGGCTGCCC	-2	0,4	-4,01	0.57	Hs.24435	mRNA sequen	0,50
2936.				.,	-,	,,,,,,	hematopoietic	
					,		PBX-interacting	
	CTGACCGGTGC	-2	0,4	-4,05	0,58	Hs.8068	protein [0,49
2937.							chromosome 15	
				1			open reading	
	CATAGAGCCAC	-2	0,4	-4,05	0,58	Hs.6118	frame 12 [Sw	0,49
2938.							RNA processing	
		,					factor 1	1 1
	AATTGCCACTG	-2	0,4	-4,05	0,58	Hs.287863	[Swissprot: sp	0,49
2939.	e e		İ				EST, Moderately	
	TO 4 4 TO TO 4 4 O			4.05	0.50		similar to	0.40
2040	TGAATGTCAAG	-2	0,4	-4,05	0,58	Hs.230767	T14738 hypoth	0,49
2940.			İ				tumor	
							suppressing subtransferable	
	AGCCCGCCGCG	-2	0,4	-4,05	0.58	Hs.154036		0,49
2941.	7000000000	-2	0,4	-4,00	0,50	113.104030	likely ortholog of	0,43
2341.							mouse NPC	
	CTAACTTCGTT	-2	0,4	-4,05	0.58	Hs.14838	derived pro	0,49
2942.				1,00	0,00	110111000	acidic (leucine-	0,10
							rich) nuclear	
}	TAGTCCCTCTT	-2	0,4	-4,08	0.59	Hs.84264	phosphopro	0,49
2943.							RAB5A, member	
						:	RAS oncogene	
	TGTCAGAGATG	-2	0,4	-4,08	0,59	Hs.73957	family [Swis	0,49
2944.		1					casein kinase 1,	
1		_					epsilon	
	CTGAAATTCGG	-2	0,4	-4,12	0,59	Hs.79658	[Swissprot: sp	.0,49
2945.							KIAA0193 gene	
		,					product	
	TTTGCAATTAT	-2	0,4	-4,12	0.50	Hs.75137	[Swissprot:	0.40
2946.	·	-2	0,4	-4,12	0,59	⊓S./3 3/	sp Q1 biliverdin	0,49
2540.							reductase A	
	TTGGGGAAACA	-2	0,4	-4,16	0.6	Hs.81029	[Swissprot: sp P	0,48
2947.	110000,000		<u> </u>	-1,10	0,0	110.01020	ESTs, Weakly	0,-10
-0	1						similar to	
							T24032	,
	TGATGCGCGCT	-2	0,4	-4,16	0,6	Hs.25664	hypotheti	0,48
2948.			-				aminoacylase 1	
							[Swissprot:	
	AGGCTGTGTTC	-2	0,4	-4,16	0,6	Hs.334707	sp[Q03154;]	0,48
2949.							Homo sapiens	
							cDNA:	,
1		_	_				FLJ23458 fis,	
L	AATGGATTACC	-2	0,4	-4,16	0,6	Hs.323098		0,48
2950	•						stromal cell-	
	CAACCCATCTT			4 46		LID 200442	derived factor 2-	0.40
2054	GAAGGCATCTT	-2	0,4	-4,16	0,6	Hs.303116	Williams Beuren	0,48
2951	тететететет		0.4	-4,16	0.0	Hc 0204	syndrome	0.40
L	119191919191	-2	0,4	-4,10	<u></u>	Hs.9291	Sylluloille	0,48

2952. GAACGTCTTAC -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.92909 SON DNA binding protein Swissprot: spl hypothetical protein HSPC194 HSPC195 HSPC195 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HSPC195 HS.282997 HS.282997 HSPC195 HS.282997	0,48
2952. GAACGTCTTAC	0,48
GAACGTCTTAC -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.92909 Swissprot: sp hypothetical protein HSPC194	0,48
ATTACAAACCT	0,48
ATTACAAACCT -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.30376 Swissprot glucosidase, beta; acid (includes glucos) 2954. CGCTGTGTGCT -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.282997 (includes glucos) Pypothetical protein FLJ20303 Swisspro ATP-binding cassette, sub-femily F (GCN2) TCTGGACTCGG -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.153612 family F (GCN2) TGAGAGACACC -2 0,4 -4,24 0,62 Hs.8164 Swisspro Swisspro Swisspro ATP-binding cassette, sub-femily F (GCN2) TGAGAGACACC -2 0,4 -4,24 0,62 Hs.8164 Swisspro Swis	
ATTACAAACCT -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.30376 Swissprot glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 Swissprot Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein Glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein glucosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein foliosidase, beta; acid (Includes glucos hypothetical protein function foliosidase, beta; acid (Includes glucos) hypothetical protein function function function function function function function functi	
ATTACAAACCT -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.30376 [Swissprot glucosidase, beta; acid (includes glucos) CGCTGTGTGCT -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.282997 (includes glucos) Phypothetical protein FLJ20303 [Swisspro ATP-binding cassette, subtripartite motification and protein graph of the protein graph of	
2954 CGCTGTGTGCT -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.282997 (Includes glucos hypothetical protein FLJ20303 F	
CGCTGTGTGCT -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.282997 hypothetical protein FLJ20303 Swisspro ATP-binding cassette, subfamily F (GCN2 tripartite motificontaining 37 Swisspro GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.153612 family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 Swisspro Swisspro GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] adaptor-related protein complex GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta polymerase (DNA directed), delta 2, regu low density lipoprotein GACACAGGCAG -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu low density lipoprotein GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogenactivated protein GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.20478 neuronal 2, late 2964. KIAA1096	0,48
CGCTGTGTGCT	0,48
2955. CAGTGGGGTTA -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.17138 [Swisspro ATP-binding cassette, sub-tripartite motificontaining 37 [Swisspro TCTGGACTCGG -2 0,4 -4,24 0,62 Hs.8164 [Swisspro ITCTGGCACTG -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] [Swisspro ITCTGGCACTG -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] [Swisspro ITCTGGCACTG -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta polymerase (DNA directed), delta 2, regu low density lipoprotein GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogenactivated protein GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, gaatgctaff.	0,48
CAGTGGGGTTA -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.17138 [Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 2957. 2957. TGAGAGACATC -2 0,4 -4,24 0,62 Hs.8164 [Swisspr Enter in the protein of containing 37 and protein containing 37 [Swisspr Enter in the protein containing 37 and protein complex 3, delta polymerase (DNA directed), delta 2, regu low density lipoprotein receptor-related mitogenactivated protein GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	
CAGTGGGGTTA -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.17138 [Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 tripartite motificontaining 37 (Swisspro ATP ATP ATP ATP ATP ATP ATP ATP ATP ATP	
CAGTGGGGTTA -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.17138 [Swisspro 2956. ATP-binding cassette, sub-family F (GCN2 2957. tripartite motif-containing 37 TGAGAGACATC -2 0,4 -4,24 0,62 Hs.8164 [Swisspr 2958. TTCTGGCACTG -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] 2959. adaptor-related protein complex GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta polymerase (DNA directed), delta 2, regu low density lipoprotein GACACAGGCAG 2961. GACACAGGCAG -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu low density lipoprotein receptor-related mitogen-activated protein kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late lipofuscinosis, neuronal 2, late 2963. GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.20478 neuronal 2, late 2964. KIAA1096	
2956. TCTGGACTCGG -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.153612 family F (GCN2 tripartite motif-containing 37 [Swisspr 2958.] TTCTGGCACTG -2 0,4 -4,24 0,62 Hs.8164 [Swisspr 2959.] 2959. GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] 2960. TCTACTTTTGT -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta polymerase (DNA directed), delta 2, regu low density lipoprotein GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogenactivated protein GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	0,48
TCTGGACTCGG	
TCTGGACTCGG -2 0,4 -4,2 0,61 Hs.153612 family F (GCN2 tripartite motif-containing 37 [Swisspr Page 18] 2958. TCTGGCACTG -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] 2959. GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta polymerase (DNA directed), delta 2, regu low density lipoprotein GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related protein GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	
2957.	0,48
TGAGAGACATC -2 0,4 -4,24 0,62 Hs.8164 [Swisspr] 2958. TTCTGGCACTG -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] 2959. GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta 2960. TCTACTTTTGT -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu 2961. GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related protein receptor-related mitogenactivated protein receptor-related mitogenactivated protein kinase kinase 2963. GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase 2964. KIAA1096	<u></u>
2958. TTCTGGCACTG -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] 2959. adaptor-related protein complex 3, delta polymerase (DNA directed), delta 2, regu low density lipoprotein GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogenactivated protein GACACTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 Kinase kinase 2964. KIAA1096	
TTCTGGCACTG -2 0,4 -4,27 0,63 Hs.20237 none] 2959. GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta 2960. TCTACTTTTGT -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu 2961. GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogenactivated protein kinase kinase 2962. GACTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	0,47
2959. GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta 2960. TCTACTTTTGT -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu 2961. GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related 2962. GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 mitogen-activated protein kinase kinase 2963. GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.20478 recroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	
GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 protein complex 3, delta 2960. TCTACTTTTGT -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu 2961. GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogen-activated protein kinase kinase 2963. GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	0,47
GTAGAAAAGAA -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.75056 3, delta 2960. TCTACTTTTGT -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu 2961. GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related 2962. GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase 2963. GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.20478 ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	
2960. TCTACTTTTGT -2 0,4 -4,31 0,63 Hs.74598 delta 2, regu 2961. GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related 2962. GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 mitogen-activated protein kinase kinase 2963. GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.20478 recroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	
TCTACTTTTGT	0,46
TCTACTTTGT	
2961.	0.40
GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogenactivated protein kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late E964.	0,46
GACACAGGCAG -2 0,4 -4,35 0,64 Hs.143641 receptor-related mitogen-activated protein kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	
2962. mitogen-activated protein kinase kinase 2963. GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964. KIAA1096	0,46
GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 activated protein kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964.	0,40
GACCTCCTGCC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.89449 kinase kinase ceroid-lipofuscinosis, neuronal 2, late 2964. KIAA1096	
2963.	0,46
GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.20478 lipofuscinosis, neuronal 2, late KIAA1096	0,10
GAATGCTGACC -2 0,4 -4,39 0,65 Hs.20478 neuronal 2, late 2964. KIAA1096	
	0,46
protein	
Swissprot:	
GGCCTCTGAGC	0,45
2965. staufen, RNA	
binding protein	
GAATGTAAGTA	0,45
2966. EGF-containing	
AGCTACCGGC -2 0.4 -4.47 0.67 Hs.6059 extracellula	0.45
	0,45
2967. KIAA0121 gene product	
GTTTGCCTGAG -2 0,4 -4,47 0,67 Hs.155584 splQ1	0,45
2968. myristoylated	U, T U
alanine-rich	
TTTTGTAAATA -2 0,4 -4,5 0,68 Hs.75607 protein kinas	
2969. hypothetical	0.44
GATCTCATCTG -2 0,4 -4,5 0,68 Hs.293678 protein	0,44
	0,44 0,44

	TTGGGAGTGAG	-2	0,4	-4,85	0,75	Hs.26285	[Swissprot:	0,41
2985.				_		Hs.77171	nischarin	0,42
	GACTCGCCCAC	-2	0,4	-4,81	0.74	Uc 77474	minichromosom e maintenance deficien	0.40
2984.	GGGTCTGCGGG	-2	0,4	-4,77	0,73	Hs.146219	[Swissprot: sp Q9UBL6;] MCM5	0,42
2983.	GGGGGTTGGTT	-2	0,4	-4,77	0,73	Hs.4779	hypothetical protein FLJ10702 copine VII	0,42
2982.	AAGAAAGGAGT	-2	0,4	-4,73	0,73	Hs.202097	endopeptidase enhancer [S similar to	0,42
2981.	GCTGCACCGGT	-2	0,4	-4,73	0,73	Hs.70582	RNA nelicase Swissprot: procollagen C-	0,42
2980.	CCACAACCTGG	-2	0,4	-4,69	0,72	Hs.101742	subunit pseudouridine sy ATP-dependent	0,43
2978. 2979.	CGGGATTCCTC	-2	0,4	-4,69	0,72	Hs.283007	phospholipid transfer protein [Swisspro ribosomal large	0,43
	GCTGTGCCTGG	-2	0,4	-4,69	0,72	Hs.58247	4 (trypsin 4, brain)	0,43
2976.	AAGGCCACCGG	-2	0,4	-4,66	0,71	Hs.1384	O-6- methylguanine- DNA methyltransferas e protease, serine,	0,43
2975. 2976.	CCTAGGACCTG	-2	0,4	-4,66	0,71	Hs.323342		0,43
2974.	CAGGGCGGGTT	-2	0,4	-4,62	0,7	Hs.23978	scaffold attachment factor B [Swissprot	0,43
2973.	CAGGTTGACAG	-2	0,4	-4,62	0,7	Hs.69235	transportin-SR [Swissprot: sp Q96G71;sp	0,43
	ATCAGTGTGCA	-2	0,4	-4,58	0,69	Hs.194662		0,44
2971. 2972.	GGCCACTCTAG	-2	0,4	-4,54	0,68	Hs.23111	phenylalanine- tRNA synthetase-like [Swi	0,44
2970.	GTGGCCCGCAG	-2	0,4	-4,54	0,68	Hs.96200	neighbor of A- kinase anchoring protein 9	0,44
							TCBAP0758 [Swisspr	

							aniOOLIEO0l	
							sp Q9UES6;sp Q9UF	
2986.							Fas (TNFRSF6)-	
		•					associated via	
	GCTGGGGTGGG	-2	0,4	-4,88	0,76	Hs.86131	death domai	0,41
2987.							destrin (actin	
	AAAOTTOOTAA			4.00			depolymerizing	
2988.	AAAGTTCGTAA	-2	0,4	-4,88	0,76	Hs.82306	factor) [0,41
2900.							ribosomal protein S15a	
	AAGAAGCAAGA	-2	0,4	-4,88	0.76	Hs.343665		0,41
2989.		-		.,00	0,70	110.010000	proteasome	0,71
							(prosome,	
							macropain) 26S	*
0000	ACATCCTCACC	2	0,4	-4,88	0,76	Hs.279554		0,41
2990.					,		mitochondrial	
	ACTTTGAATGA	-2	0,4	-4,92	0.77	He 152739	ribosomal protein L11 [Sw	0.44
2991.	ACTITION VITOR		0,7	-7,32	0,77	118,102700	dendritic cell	0,41
							protein	
	AACAGAATATG	-2	0,4	-4,96	0,77	Hs.69469	[Swissprot: sp O	0,40
2992.							collagen, type I,	•
	04004004040		0.4	4.00			alpha 1	
2993.	GACCAGCAGAC	-2	0,4	-4,96	0,77	Hs.172928	[Swissprot: s	0,40
2993.							hypothetical protein	
							FLJ20657	
	CTACCAGCACC	-2	0,4	-4,96	0,77	Hs.164256		0,40
2994.			, -		, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,		ZYG homolog	
							[Swissprot:	
ļ				_			sp O00156;sp Q	·
2005	CGGCGCTCCCT	-2	0,4	-5	0,78	Hs.29285	9	0,40
2995.							hypothetical protein	
		•					FLJ20542	
	ACACACGCAAG	-2	0,4	-5,08	0.8	Hs.6449	[Swisspro	0,39
2996.							kinesin-like 4	
							[Swissprot:	
0007	GGCGCCAAAAA	-2	0,4	-5,08	0,8	Hs.119324		0,39
2997.							hypothetical	
							protein FLJ22329	
	TGTTTGGGGGC	-2	0,4	-5,15	0.82	Hs.61478	[Swisspro	0,39
2998.				5,10	0,02	110.01110	ribosome	0,00
1							binding protein 1	
	AGAGACAAGTC	-2	0,4	-5,19	0,82	Hs.98614	homolog 180kD	0,39
2999.	i						hypothetical	
							protein	
	GGGGGAGGGAA	2	0,4	5,23	0,83	La 112755	FLJ10856	0.20
3000.	JOCOGAGGAA		0,4	-∪,∠૩	0,03	Hs.113755	[Swisspro sterol regulatory	0,38
							element binding	
	GCCTCCTGAGT	-2	0,4	-5,3	0,85	Hs.108689		0,38
3001.							DAZ associated	
				_	_		protein 1	
0000	AGCAAGCCCCC	-2	0,4	-5,34	0,86	Hs.65588	[Swissprot: sp	0,37
3002.	GATGGGGACAA	-2	0,4	-5,34	0.00	Un 005000	DR1-associated	0.0=
	I DATOGORDAA	-2	0,4	-0,34	0,00	Hs.295362	protein 1	0,37

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 206

Solution Solution								(
TTTCCTGTGTG								(negative cofac	
SOUNT STATE STAT	3003.	TTT00T0T0T0				0.00	04004		
GGTGGAGCAGA -2 0,4 -5,38 0,86 Hs.6846 Chromosome 22 open reading frame 5 [Swi spro chromosome 22 open frame 5 [Swi spro chromosome 22 open frame 5 [Swi s	2004	THECHGIGIG	-2	0,4	-5,38	0,86	Hs.21321		0,37
GGTGGAGCAGA -2 0,4 -5,38 0,86 Hs.6846 Swisspro 0 AGTTCCACCAG -2 0,4 -5,38 0,86 Hs.182626 Swisspro 0 AGTTCCACCAG -2 0,4 -5,38 0,86 Hs.182626 Grame 5 Swi 0 AGTTGACCGCTG -2 0,4 -5,42 0,87 Hs.177766 ADP-ribosyltransferas e (NAD+; poly ADP-ribosyltransferas e	3004.								
GGTGGAGCAGA -2 0,4 -5,38 0,86 Hs.6846 [Swisspro 0 dromosome 22 open reading frame 5 [Swi 0 0 AGTTCCACCAG -2 0,4 -5,42 0,87 Hs.177766 [Swissprot new control of the control									
AGTTCCACCAG -2		GGTGGAGCAGA	_2	ا م	5 38	0.86	Uc 6946		0,37
AGTTCCACCAG	3005	3010000000	-2	0,4	-5,50	0,00	115.0040		0,37
AGTTCCACCAG	0000.								
ATTGACCGCTG	·	AGTTCCACCAG	-2	0.4	-5.38	0.86	Hs 182626		0,37
ATTGACCGCTG -2 0,4 -5,42 0,87 Hs.177766 (ADP+; poly) 3007. CAGCCTCCCTG -2 0,4 -5,46 0,88 Hs.75593 (congenitae) 3008. TCCCTGGCTGT -2 0,4 -5,5 0,89 Hs.78575 (disease and nicroseminoprote in, beta-endothelial growth factor B [Swissprot: s of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex, subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein 2/3 complex subun of actin related protein from actin f	3006.				- 5,55	-,55	.,66_6_6		
ATTGACCGCTG -2 0.4 -5.42 0.87 Hs.177766 (ADP-) 0 3007. CAGCCTCCCTG -2 0.4 -5.46 0.88 Hs.75593 (congenita prosaposin recomposable prosable prosaposin recomposable prosaposin recomposable prosaposin recomposable prosaposin recomposable prosaposin recomposable prosable prosaposin recomposable recomposable prosaposin recomposable prosaposin recomposable prosaposin recomposable r									-
ATTGACCGCTG									
CAGCCTCCCTG -2 0,4 -5,46 0,88 Hs.75593 n III synthase (congenita 0 0 0 0 0 0 0 0 0		ATTGACCGCTG	-2	0,4	-5,42	0,87	Hs.177766		0,37
CAGCCTCCCTG -2 0,4 -5,46 0,88 Hs.75593 (congenita 0 0 0 0 0 0 0 0 0	3007.							uroporphyrinoge	
TCCCTGGCTGT	ļ							n III synthase	
TCCCTGGCTGT		CAGCCTCCCTG	-2	0,4	-5,46	0,88	Hs.75593	(congenita	0,37
TCCCTGGCTGT	3008.			·					
3009. CCTATCAGTAA -2 0,4 -5,5 0,89 Hs.183752 Swissprot: s 0 0 0 0 0 0 0 0 0									
CCTATCAGTAA -2 0,4 -5,5 0,89 Hs.183752 Swissprot: s 0		TCCCTGGCTGT	-2	0,4	-5,5	0,89	Hs.78575		0,36
CCTATCAGTAA -2 0,4 -5,5 0,89 Hs.183752 Swissprot: s 0 vascular endothelial growth factor B GCTTTTCAGAC -2 0,4 -5,53 0,9 Hs.78781 S 0 RNA binding motif protein 9 Swissprot: 0 actin related protein 2/3 carbonyl reductase 1 Swissprot: 3013. GGCCCCATTIT -2 0,4 -5,61 0,91 Hs.11538 complex, subun 0 carbonyl reductase 1 Swissprot: Swissprot: 3014. RAB14, member RAS oncogene family Swis 0 RAB14, member RAS oncogene family Swis 0 Swissprot: Swissprot: GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,69 0,93 Hs.5807 Hs.18778 Swissprot: GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,72 0,94 Hs.10095 Hs.5807 Hs.10095 Hs.5807 GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 Protein 1 light c 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 OKFZP586F152 4 protein Swissprot: GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 SpiQ9 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 SpiQ9 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 SpiQ9 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) CAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 SpiQ9 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) CAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X Swissprot 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) CAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X Swissprot 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) CAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X Swissprot 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) CAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X Swissprot 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) CAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X Swissprot 0 OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Clu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Clu-Ala-Asp/His) OFAD/H (Asp-Clu-Ala-Asp/His)	3009.								
3010.	1	00747040744	_	ا م		0.00	400750		
GCTTTTCAGAC	0040	CCTATCAGTAA	-2	0,4	-5,5	0,89	Hs.183752		0,36
GCTTTTCAGAC -2 0,4 -5,53 0,9 Hs.78781 S Growth factor B S 0	3010.							1	
GCTTTTCAGAC			*						
3011 AGGCCTGGCTA		CCTTTTCAGAC	و_	0.4	-5 53	00	He 79791	_	0,36
AGGCCTGGCTA -2 0,4 -5,57 0,91 Hs.5011 motif protein 9 Swissprot: 0 actin related protein 2/3 complex, subun 0 carbonyl reductase 1 Swissprot: sp P16 0 GGCCCCATTTT -2 0,4 -5,65 0,92 Hs.88778 Sp P16 0 RAB14, member RAS oncogene family [Swis on the spote of the spote o	3011	GOTTTTCAGAC		0,4	-5,55	0,9	118.70701		0,30
AGGCCTGGCTA -2 0,4 -5,57 0,91 Hs.5011 [Swissprot: 0 actin related protein 2/3 complex, subun 0 carbonyl reductase 1 [Swissprot: splP16 0 carbonyl reductase 1 [Swissprot: splP16 0 carbonyl reductase 1 [Swissprot: splP16 0 carbonyl reductase 1 carbonyl reduc	00 1 1.			}					
3012.		AGGCCTGGCTA	-2	0.4	-5.57	0.91	Hs.5011		0,36
AGTATCTGGGA -2 0,4 -5,61 0,91 Hs.11538 complex, subun 0 3013. GGCCCCATTTT -2 0,4 -5,65 0,92 Hs.88778 sp[P16 0 3014. ACCTGCTGGTG -2 0,4 -5,69 0,93 Hs.5807 family [Swis note in from EUROIMAGE associated protein from EUROIMAGE associated protein 1 light c 0 3016. TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. ACTCTGCCAAGG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp[Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0	3012.					-,			-,
3013. Carbonyl reductase 1									
GGCCCCATTTT -2 0,4 -5,65 0,92 Hs.88778 sp P16 0 0 0 0 0 0 0 0 0	1	AGTATCTGGGA	-2	0,4	-5,61	0,91	Hs.11538	complex, subun	0,36
GGCCCCATTTT -2 0,4 -5,65 0,92 Hs.88778 sp P16 0 0 0 0 0 0 0 0 0	3013.								
GGCCCCATTTT	•								
3014.							l		
ACCTGCTGGTG -2 0,4 -5,69 0,93 Hs.5807 family [Swis 0] 3015. GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,72 0,94 Hs.10095 1669 0 3016. TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0]		GGCCCCATTTT	-2	0,4	-5,65	0,92	Hs.88778		0,35
ACCTGCTGGTG -2 0,4 -5,69 0,93 Hs.5807 family Swis 0	3014.			1					
3015. hypothetical protein from EUROIMAGE GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,72 0,94 Hs.10095 1669 0 3016. microtubule-associated protein 1 light c 0 3017. DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypep 0 3018. DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0		ACOTOCTOCTO		١ ,,	F 60	000	LIa 5007		0.05
GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,72 0,94 Hs.10095 1669 0 3016. microtubule-associated TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. H2A histone family, member GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0	2045	ACCIGCIGGIG	-2	0,4	-5,69	0,93	HS.5807		0,35
GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,72 0,94 Hs.10095 1669 0 3016. TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0	3015.								
GGCTCCCAAGG -2 0,4 -5,72 0,94 Hs.10095 1669 0 3016. TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0									
3016. microtubule-associated TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) OUT		GGCTCCCAAGG	2	0.4	-5.72	ിറചെ	He 10095		0,35
TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypep 0 DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0	3016		_	0, 1	0,12	0,04	110.10000		0,00
TGCCCCCTAG -2 0,4 -5,76 0,95 Hs.134707 protein 1 light c 0 3017. GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) box polypep 0 DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0	0010.						Ì		
3017. DEAD/H (Asp-Glu-Ala-Asp/His) GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. H2A histone family, member GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0		TGCCCCCCTAG	-2	0.4	-5.76	0.95	Hs.134707		0,35
GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0]	3017.				-,	- 7			
GTGGAGCGGAG -2 0,4 -5,84 0,96 Hs.323462 box polypep 0 3018. DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0]					1			
3018. DKFZP586F152 4 protein [Swissprot: ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 0 0 0 0 0 0 0 0		GTGGAGCGGAG	-2	0,4	-5,84	0,96	Hs.323462		0,34
ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0]	3018.								
ACTCTGCCAAG -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.241543 sp Q9 0 3019. H2A histone family, member GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0							ļ		•
3019. H2A histone family, member GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0									
GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0			-2	0,4	-5,88	0,97	Hs.241543		0,34
GAAAGAGCTGA -2 0,4 -5,88 0,97 Hs.147097 X [Swissprot 0	3019	.	1		1				
			_						
$13020.1\Delta\Delta\Delta\Delta$ TGT Δ CT C 2 0.41 5.05 0.00 145.24762 1DAN binding 1.00	0000			 					0,34
U.41 -0,30 U,33 [RAN Diliding U	3020	AAAATGTACTG	-2	0,4	-5,95	0,99	Hs.24763	RAN binding	0,34

							protein 1 [Swissprot: sp P4	
3021.							(Manual assignment) KIF5A Neuronal	
	CCAGCGTGGAA	-2	0,4	-5,95	0,99	Hs.192760	kines	0,34
3022.	,						5'-3'	*
							exoribonuclease 2 [Swissprot:	
	TTAGCAGTTGG	-2	0,4	-5,99	1	Hs.268555	sp	0,33
3023.		·					protein disulfide	
	AATGACTGAAT	-2	0,4	-6,03	1	Hs.93659	isomerase related prot	0,33
3024.				0,00	<u>.</u>	110.0000	guanidinoacetat	0,00
							e N-	
	ссстсстссвт	-2	0,4	-6,07	4.04	Un 04424	methyltransferas	
3025.	CCCTCCTCCGT	-2	0,4	-0,07	1,01	Hs.81131	e [S DKFZP434J154	0,33
							protein	
							[Swissprot:	
3026.	ATTCTTCGGAC	-2	0,4	-6,11	1,02	Hs.226372		0,33
3020.							laminin, alpha 5 [Swissprot:	
	ACTCGCTCTGT	-2	0,4	-6,14	1,03	Hs.11669	sp O15230;	0,33
3027.	GAGCAGCTGGA	-2	0,4	-6,22	1.05	Hs.166887	copine I [Swissprot: sp Q99829;sp Q 9H24	0.20
3028.	CASCASCICOA		0,4	-0,22	1,03	118.100001	solute carrier	0,32
						'	family 25	
2000	GGGGGCGCCTT	-2	0,4	-6,22	1,05	Hs.164280	-1-	0,32
3029.							X-ray repair	
	ATATAGGTCGT	-2	0,4	-6,26	1.05	Hs.84981	complementing defective rep	0,32
3030.					.,,		ATPase, Na+/K+	0,02
							transporting,	
3031.	GACACTGAAAT	-2	0,4	-6,26	1,05	Hs.78629	beta 1 poly nucleosome	0,32
10001.							assembly protein	
	ACGCAGGCGCC	-2	0,4	-6,41	1,09	Hs.78103	1-like 4 [S	0,31
3032.							threonyl-tRNA	
	ACCAATCCTTT		0.4	0.40		11- 04404	synthetase	2.24
3033.	AGGAATGCTTT	-2	0,4	-6,49	1,1	Hs.84131	[Swissprot: sp ESTs, Highly	0,31
0000.						·	similar to	
	TGCGCGCCCTG	-2	0,4	-6,49	1,1	Hs.15093	unnamed protein	0,31
3034.							pituitary tumor-	
	GGAATCCAATC	-2	0,4	-6,56	1 12	Un 252507	transforming 1	0.20
3035.	COASIOOAAIO		0,4	-0,50	1,14	Hs.252587	[Swisspr surfeit 4	0,30
							[Swissprot:	
0555	AAGACTGGCTT	-2	0,4	-6,6	1,13	Hs.284296	sp[O15260;]	0,30
3036.							DnaJ (Hsp40)	
							homolog, subfamily C,	
	GTGATCTCCGT	-2	0,4	-6,6	1,13	Hs.165563		0,30
3037.	GCCCGAGCCC	-2	0,4	-6,72			DNA segment,	0,30
						·		

							single copy	
							probe LNS- CAI/L	
3038.			,				(Manual assignment)	
							GTT1, START	
3039.	TCATTGTAATG	-2	0,4	-6,79	1,17	Hs.283722	domain p	0,29
3039.	-	1		-			1-acylglycerol-3- phosphate O-	
	ACCCCACCCAG	-2	0,4	-6,83	1,18	Hs.240534	acyltransfe	0,29
3040.				ł			lysyl oxidase-like 2 [Swissprot:	
	TGTCATCACAG	-2	0,4	-6,87	1,18	Hs.83354	sp[Q9Y	0,29
3041.							hypothetical	
				}			protein DKFZp762I166	
	GAGAACGGGGA	-2	0,4	-6,87	1,18	Hs.6191	[Swis	0,29
3042.						-	ATPase, H+	
	TTCACTGCCGA	-2	0,4	-6,91	1,19	Hs.78089	transporting, lysosomal (vacu	0,29
3043.							hypothetical	
							protein MGC19556	
	CTGATGGCAGA	-2	0,4	-6,95	1,2	Hs.334787	[Swisspro	0,29
3044.							ribosomal	
1	CCTTTGGCTAG	-2	0,4	-6,95	12	Hs.108957	protein S27-like [Swissprot:	0,29
3045.	331113331113	_		0,00	',	110.100007	adenosine	0,20
							deaminase,	
	CCCCTCTGAGT	-2	0,4	-7,06	1,23	Hs.7957	RNA-specific Swis	0,28
3046.							px19-like protein	
	ACTACCTTCAC	-2	0,4	-7,06	1 23	Hs.279529	[Swissprot: sp Q9UI13	0,28
3047.	710171001110710			1,00	1,20	110.270020	NADH	
							dehydrogenase	
	GGTGGCTTTGC	-2	0,4	-7,17	1,25	Hs.109760	(ubiquinone) 1 beta s	0,28
3048.			•				complement	
	GAGGGTGCCAA	-2	0,4	-7,21	1 26	Hs.8986	component 1, q subcomponent,	0,28
3049.			0,7	7,21	1,20	113.0000	proprotein	0,20
	ATOTOAAGGAG		0.4	7.05	4.07	U- 050044	convertase	0.00
3050.	ATCTGAAGCAG	-2	0,4	-7,25	1,27	Hs.256311	subtilisin/kexin t ADP-ribosylation	0,28
							factor-like 6	-
3051.	GAATCATTTTG	-2	0,4	-7,37	1,29	Hs.75249	interacti	0,27
3051.							N-myc downstream-	
							regulated gene 2	
3052.	CGGGGAGATGA	-2	0,4	-7,37	1,29	Hs.243960	Swis solute carrier	0,27
0002.							family 2	
2050	GAGACTCCTGC	-2,07	0,81	-1,24	0,11	Hs.169902		1,67
3053.	•		ļ				actin related protein 2/3	
1	CAGGAGTTCAA	-2,07	0,81	1 22	0.40	Hs.83583	complex, subun	1,57
	ACTTGGAGCCG	-2,07	0,01	-1,32	0,19	113.00000	COMPION, CADAM	1,07

							(phosphorylase	
3055.							kinase, delt	
3035.							DnaJ (Hsp40)	
	,						homolog, subfmaily B,	
	AGACCAAAGTG	-2,18	0,67	-1,48	0.23	Hs.82646	membe	1 47
3056.	7.07.007.0010	-2,10	0,07	-1,40	0,23	1115.02040	MORF-related	1,47
							gene 15	
							[Swissprot:	
	ATAGACGCAAT	-2,18	0,67	-1,76	0.47	Hs.6353	sp Q9H	1,24
3057.					· · · · · · · · · · · · · · · · · ·		ESTs,	
							Moderately	
							similar to	
	ACTGTGCCACT	-2,49	0,33	-1,01	0	Hs.326122	unnamed prot	2,47
3058.							Homo sapiens	
]						cDNA:	
	AOTOTTOTOTT				_		FLJ21927 fis,	
3059.	ACTGTTCTCTT	-2,49	0,33	-1,39	0	Hs.81360	clone H	1,79
3059.							hypothetical	
	-						protein	
	AATGGCATTGA	-2,49	0,33	-1,39	0	Hs.31431	FLJ12171	4 70
3060.	ARTOGOATTOA	-2,43	0,33	-1,39		П5.51451	[Swisspro	1,79
0000.]	hypothetical protein	
							FLJ20396	
	TGCTGCTGCTT	-2,49	0,53	-1,45	0.05	Hs.283685		1,72
3061.					,	7.0.20000	postmeiotic	1,72
							segregation	
	CTTCCTGTACA	-2,49	0,53	-1,53	0,09	Hs.323954	increased 2-like	1,63
3062.							hypothetical	
							protein	
							FLJ14590	
0000	AGGCCCTGCTC	-2,49	0,33	-1,55	0	Hs.6193	[Swisspro	1,61
3063.							hypothetical	
							protein	
	CTGGCCGCAAG	-2,49	0,53	-1,62	0.12	He 200202	FLJ13111	4.54
3064.	01000000	-2,45	0,00	-1,02	0,13	Hs.288382	[Swisspro COP9	1,54
0004.						-	constitutive	
							photomorphoge	
	TTGAGAGATGA	-2,49	0,33	-1,7	0.01	Hs.3758	nic homol	1,46
3065.			, , , , , ,				hypothetical	1,40
							protein	
				- 1			FLJ22638	
	CCAGCGCAGCC	-2,49	0,33	-1,7	0,01	Hs.183232	[Swisspro	1,46
3066.		'					nardilysin (N-	
							arginine dibasic	Í
2007	TTGTTGGATAT	-2,49	0,33	-1,74	0,02	Hs.4099	convertas	1,43
3067.							leptin receptor	
	AAAGTTTGAGA	2 40	0.22	1 76	0.00	115 00504	gene-related	
3068.	AAAGIIIGAGA	-2,49	0,33	-1,76	0,02	Hs.23581	protein [S	1,41
5500.							PC3-96 protein [Swissprot:	
	CTGAGGTGATG	2,49	0,33	-1,77	0.03	Hs.26367	sp Q9H6L9;sp	4 44
3069.	0.0/100/10/110	۵,٦٥	0,00	- 1,77	0,00	1 15.20301	KIAA1694	1,41
- 550.		ĺ	,				protein	
				l			[Swissprot:	:
	CCACCTTTCCC	-2,49	0,33	-1,79	0,03	Hs.19597	sp Q9C0G9;	1,39

2070		1	₁					
3070.	COTOTOGAGTO	0.40		4 00	0.05		EST [Swissprot:	4 3 -
0074	CCTCTGCACTC	-2,49	0,33	-1,83	0,05	Hs.336758		1,36
3071.							hypothetical	
							protein 384D8_6	
	GCCCAGCCCTG	-2,49	0,33	-1,85	0,05	Hs.180903		1,35
3072.		l		l		i	Cbp/p300-	-
							interacting	
		ĺ		1			transactivator,	
	AAAAGATACTA	-2,49	0,33	-1,91	0,07	Hs.82071	wit	1,30
3073.					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		DKFZP586J061	
							9 protein	
							[Swissprot:	
	GCCTGGGCTGG	-2,49	0,71	-1,95	0.48	Hs.112184	spIQ8	1,28
3074.		-,	-,				kinectin 1	1,20
							(kinesin	
		i]	receptor)	
	AATCCGACTCT	-2,49	0,33	-1,95	0.08	Hs.211577	[Swisspro	1,28
3075.	7411000710101	-2,-0	0,00	-1,55	0,00	113.211311		1,20
3073.							hypothetical	
		l					protein	
	LOCOCOCOCOTO I	0.40	0.50		0.00		MGC4022	
0070	GCCCCGCCCTC	-2,49	0,53	-2,08	0,36	Hs.280666		1,20
3076.		ŀ					general	
1						1.	transcription	
<u> </u>	GGGGCTGTGGC	-2,49	0,33	-2,08	0,12	Hs.331	factor IIIC, polyp	1,20
3077.						4	tubulin, beta	
							polypeptide	
	TGTAGAAAAAA	-2,49	0,53	-2,09	0,37	Hs.336780	[Swissprot: s	1,19
3078.							CGI-51 protein	
1	i						[Swissprot:	
1	CCACACACCGT	-2,49	0,33	-2,1	0,12	Hs.4877	splQ969Y9;sp	1,19
3079.							hypothetical	.,,,,,
1							protein	
1							MGC2594	
	GACTAGTGCGT	-2,49	0,33	-2,1	0.12	Hs.181551		1,19
3080.			0,00		0,12	110.101001	CGI-130 protein	1,10
							[Swissprot:	
	GATGAACACTG	-2,49	0,33	-2,12	0.13	Hs.32826	sp Q9BTT2;s	4 47
3081.	ONTONNONOTO	-2,-0	0,55	-2,12	0,13	118.32020	interleukin 27	1,17
5001.								
	AGCCTGCAGAA	2.40	0.71	244	0.00	Un 40007	[Swissprot:	4.40
2002		-2,49	0,71	-2,14	0,62	Hs.10927	sp Q969H8;sp	1,16
3082.							eukaryotic	
İ							translation	
	CCTTTCAAGCA	-2,49	0,33	-2,16	0,14	Hs.198899	initiation factor	1,15
3083.	· ·	İ					hypothetical	
							protein	
		l					MGC4342	
	CGTGTGCCTGT	-2,49	0,33	-2,18	<u>0,</u> 14	Hs.301342		1,14
3084.							syntaxin 4A	
							(placental)	
	ATGGCCTCCTC	-2,49	0,33	-2,19	0,15	Hs.83734	[Swissprot: sp	1,14
3085.		,					WEE1+ homolog	
							(S. pombe)	
1	TTTGCACTTGT	-2,49	0,33	-2,23	0.16	Hs.75188	[Swissprot: sp	1,12
3086.			5,50	-,20	0,10	. 10.7 0 100	uncharacterized	1,12
15555.			İ				hematopoietic	
	CCCTGGCAATG	امد و۔	ام	2.05	0.46	Un 079960		امدير
3087.	OUCTOOCATO	-2,49	0,53	-2,25	0,40	Hs.273369		1,11
3007.	CACACACATCA	0.40		ارم	0.40		similar to RIKEN	
L	GACAGACATCA	-2,49	0,33	-2,31	υ,18	Hs.7517	cDNA	1,08

TCTATAGAGTT	<u> </u>				· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·			3110001D03	
TCTATAGAGTT								1	
TCTATAGAGTT -2,49 0,33 -2,33 0,19 Hs.327546 IMAGE:3608 1,07 calpain 2, (m/II) large subunit large su	3088								
TCTATAGAGTT -2,49 0,33 -2,33 0,19 Hs.327546 MAGE:3608 1,07 clapsin 2, (m/li) large subunit Swissp 1,05 (alpsin	3000.			ļ					
TCTATAGAGTT	İ			1					
CARTCACAAAA		TCTATAGAGTT	-2.40	0.33	-2 33	0.10	He 327546		1.07
CAATCACAAAA	3080	TOTATAGAGTT	-2,70	0,00	-2,00	0,18	113.021040		1,07
CAATCACAAAA	5005.			l					
AGCTTGCGCTC		CAATCACAAAA	-2 49	0.33	-2 37	0.2	He 76288		1.05
AGCTTGCGCTC -2,49 0,33 -2,39 0,21 Hs.74316 D 1,04 proteasome (prosome, macropain) and elongation protein zet prote	3090	074107070744	2,70	0,00	-2,01	0,2	113.70200		1,00
AGCTTGCGCTC -2,49 0,33 -2,39 0,21 Hs.74316 D DESP_HUMAN D 1,04 professore (prosome, macropain) additional elongation protein zet to make the protein zet to	0000.			:					
AGCTTGCGCTC									
AGCTTGCGCTC									
TCAAGAAATTA		AGCTTGCGCTC	-2.49	0.33	-2.39	0.21	Hs.74316	ı_ — ı	1.04
TCAAGAAATTA	3091.								
TCAAGAAATTA									
TCAAGAAATTA							ı		
3092. AGCACTTTTGC		TCAAGAAATTA	-2,49	0.33	-2,39	0,21	Hs.152978		1.04
AGCACTTTTGC -2,49 0,33 -2,44 0,22 Hs.103419 protein zet 1,02 src homology 3 domain-containing protein 1,00 and main-containing protein 1,00 basigin (OK blood group) [Swissprot: sp 0,99 GTCACAGTCCT -2,49 0,33 -2,52 0,25 Hs.74631 [Swissprot: sp 0,99 serum response factor (o-fos	3092.	·							
AGCACTTTTGC				.					
3093.		AGCACTTTTGC	-2,49	0,33	-2,44	0,22	Hs.103419		1,02
TTCCTCCACGC	3093.								`
TTCCTCCACGC								, ,,	
3094. GAGGCCGACCC -2,49 0,33 -2,52 0,25 Hs.74631 Serum response factor (c-fos serum response) (c) serum		i		-				containing	
3094. GAGGCCGACCC -2,49 0,33 -2,52 0,25 Hs.74631 Serum response factor (c-fos serum response) (c) serum		TTCCTCCACGC	-2,49	0,33	-2,5	0,24	Hs.183373	protein	1,00
GAGGCCGACCC	3094.		ı i					basigin (OK	
Serum response factor (c-fos serum response follows page in the serum response factor (c-fos serum response factor (c-fos serum response follows page in the serum response factor (c-fos serum response factor (c-fos serum response factor (c-fos serum response factor (c-fos serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum response follows page in the serum resp				İ				blood group)	
GTCACAGTCCT		GAGGCCGACCC	-2,49	0,33	-2,52	0,25	Hs.74631	[Swissprot: sp	0,99
GTCACAGTCCT	3095.							serum response	
3096. Homo sapiens, clone								factor (c-fos	
CTGGGATCATC -2,49 0,33 -2,56 0,26 Hs.336425 IMAGE:3460 0,97 3097. CTGTGGCCGGA -2,49 0,33 -2,58 0,27 Hs.324157 sp[Q9 0,97 3098. TGAGGCCAGGC -2,49 0,53 -2,65 0,69 Hs.79162 protein 1 0,94 3099. CTAACGCAGCA -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.78465 homolog 0,94 3100. GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.3804 sp[O9 0,89]		GTCACAGTCCT	-2,49	0,33	-2,52	0,25	Hs.155321		0,99
CTGGGATCATC -2,49 0,33 -2,56 0,26 Hs.336425 MGC:17296 MAGE:3460 0,97	3096.								
CTGGGATCATC -2,49 0,33 -2,56 0,26 Hs.336425 IMAGE:3460 0,97					-				
3097.									_
Veast MAF1 Swissprot: Sp Q9 0,97 Structure specific recognition protein 1 0,94		CTGGGATCATC	-2,49	0,33	-2,56	0,26	Hs.336425		0,97
CTGTGGCCGGA -2,49 0,33 -2,58 0,27 Hs.324157 Sp[Q9 0,97 3098. TGAGGCCAGGC -2,49 0,53 -2,65 0,69 Hs.79162 protein 1 0,94 v-jun sarcoma virus 17 oncogene homolog 0,94 3100. CTAACGCAGCA -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.78465 homolog survival of motor neuron 2, centromeric 0,94 3101. GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 linked moi 0,93 3102. GCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 sp[O9 0,88	3097.				1				
CTGTGGCCGGA -2,49 0,33 -2,58 0,27 Hs.324157 sp Q9 0,97 3098. TGAGGCCAGGC -2,49 0,53 -2,65 0,69 Hs.79162 protein 1 0,94 3099. CTAACGCAGCA -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.78465 homolog 0,94 3100. GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 survival of motor neuron 2, centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 linked moi 0,93 3102. GCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 sp O9 0,89			1						
3098. TGAGGCCAGGC -2,49 0,53 -2,65 0,69 Hs.79162 protein 1 0,94 3099. CTAACGCAGCA -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.78465 protein 1 0,94 3100. GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 protein 2, centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 protein 1 0,94 CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 protein 1 0,94 DKFZP564C194 0 protein [Swissprot: gwissp		0.0000000	0.40	0.00	0.50	0.07	004457		
TGAGGCCAGGC -2,49 0,53 -2,65 0,69 Hs.79162 recognition protein 1 0,94 v-jun sarcoma virus 17 oncogene homolog 0,94 survival of motor neuron 2, centromeric 0,94 of the control of the cont	2000	CIGIGGCCGGA	-2,49	0,33	-2,58	0,27	Hs.324157		0,97
TGAGGCCAGGC -2,49 0,53 -2,65 0,69 Hs.79162 protein 1 0,94 v-jun sarcoma virus 17 oncogene homolog 0,94 survival of motor neuron 2, centromeric 0,94 oncolon oncogene can be controlled on the controlled oncolon oncogene homolog 0,94 oncogene ho	3098.							structure specific	Ī
3099. CTAACGCAGCA -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.78465 homolog 0,94 3100. Survival of motor neuron 2, centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 linked moi 0,93 3102. GCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 sp O9 0,89		TOACCCACCC	2.40	0.50	0.65	0.60	11- 70400		004
CTAACGCAGCA -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.78465 homolog 0,94 3100. GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 linked moi 0,93 3102. GCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 sp O9 0,89	2000	TGAGGCCAGGC	-2,49	0,53	-2,65	0,09	⊓S./9162		0,94
CTAACGCAGCA -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.78465 homolog 0,94 3100. GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 linked moi 0,93 3102. GCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 sp O9 0,89	3099.							v-jun sarcoma	j
CTAACGCAGCA									
3100. Survival of motor neuron 2, centromeric 0,94 Survival of motor		CTAACGCAGCA	-240	0.33	-2 65	0.20	He 78465		0.04
GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 centromeric 0,94 3101. CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 Investment of the control of t	3100	CIAACGCAGCA	-2,40	0,55	-2,00	0,29	П5.70405		0,94
GCTGTTCATTG -2,49 0,33 -2,65 0,29 Hs.77306 centromeric 0,94 3101.	3100.								1
3101.		CCTCTTCATTC	-2.40	0.33	-2 65	0.20	He 77306		ا م
CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 linked moi 0,93 DKFZP564C194 0 protein [Swissprot: gCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 sp O9 0,89	3101	0010110/1110	2,70	0,00	-2,00	0,20	113.77300		0,94
CAAATGCAAAG -2,49 0,33 -2,67 0,3 Hs.301957 diphosphate linked moi 0,93 3102.	10101.			• •					
CAAATGCAAAG									ŀ
3102. DKFZP564C194 0 protein [Swissprot: sp O9 0,89		CAAATGCAAAG	-2 49	0.33	-2.67	0.3	Hs 301957		0 93
0 protein	3102			- 5,00	,,	- 0,0	1.10.001007		3,33
GCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 Sp O9 0,89									:
GCCAGACACCC -2,49 0,33 -2,79 0,33 Hs.3804 sp O9 0,89									-
0400		GCCAGACACCC	-2.49	0.33	-2.79	0.33	Hs.3804		0.89
0,88	3103								
		,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	- <u>-</u> ,3	0,00	2,02	0,34	1 13.0/03	aniquium specific	U,00

3105. AGC 3106. GGA 3107. CCA 3108. AACC 3109.	AAATGCAA TGTTCTGC AGAAGATGA AAATTAGG GTGCAGGG	-2,49 -2,49 -2,49	0,33 0,33 0,33	-2,84 -2,86 -3,05	0,36	Hs.79070 Hs.249495	protease 5 (isopeptid v-myc myelocytomatosi s viral oncogene ho heterogeneous nuclear ribonucleoprotei n prefoldin 2	0,88
ATCA 3105. AGC 3106. GGA 3107. CCA 3108. AACC 3109.	TGTTCTGC GAAGATGA AAATTAGG	-2,49 -2,49	0,33	-2,86	0,36	Hs.249495	v-myc myelocytomatosi s viral oncogene ho heterogeneous nuclear ribonucleoprotei n prefoldin 2	
ATCA 3105. AGC 3106. GGA 3107. CCA 3108. AACC 3109.	TGTTCTGC GAAGATGA AAATTAGG	-2,49 -2,49	0,33	-2,86	0,36	Hs.249495	myelocytomatosi s viral oncogene ho heterogeneous nuclear ribonucleoprotei n prefoldin 2	
3105. AGC 3106. GGA 3107. CCA 3108. AACC 3109.	TGTTCTGC GAAGATGA AAATTAGG	-2,49 -2,49	0,33	-2,86	0,36	Hs.249495	s viral oncogene ho heterogeneous nuclear ribonucleoprotei n prefoldin 2	
3105. AGC 3106. GGA 3107. CCA 3108. AACC 3109.	TGTTCTGC GAAGATGA AAATTAGG	-2,49 -2,49	0,33	-2,86	0,36	Hs.249495	ho heterogeneous nuclear ribonucleoprotei n prefoldin 2	
AGC 3106. GGA 3107. CCA 3108. AACC 3109.	AAATTAGG	-2,49	0,33		······································		nuclear ribonucleoprotei n prefoldin 2	0,87
3106. GGA 3107. CCA 3108. AACO 3109.	AAATTAGG	-2,49	0,33		······································		ribonucleoprotei n prefoldin 2	0,87
3106. GGA 3107. CCA 3108. AACO 3109.	AAATTAGG	-2,49	0,33		······································		n prefoldin 2	0,87
3106. GGA 3107. CCA 3108. AACC 3109.	AAATTAGG	-2,49	0,33		······································		prefoldin 2	0,87
GGA 3107. CCA 3108. AAC0 3109.	AAATTAGG			-3,05	0,42			
3107. CCA. 3108. AACG 3109.	AAATTAGG			-3,05	0,42			
3107. CCA. 3108. AACG 3109.	AAATTAGG			-3,03	0,42	Hs.298229	[Swissprot: sp Q9UHV9;]	0,82
3108. AAC0 3109.		-2,49	0,33			HS.290229	C-terminal	0,02
3108. AAC4 3109.		-2,49	0,33				binding protein 1	
3108. AAC4 3109.				-3,09	0.43	Hs.239737	[Swissprot	0,81
3109.	GTGCAGGG	l			-1		argininosuccinat	
3109. CAG	GTGCAGGG						e synthetase	
CAG		-2,49	0,53	-3,12	0,98	Hs.160786	[Swissprot	0,80
	i i						fibulin 1	
							[Swissprot:	
				_ , _			sp P23142;sp Q	
	CTGGCCAT	-2,49	0,33	-3,13	0,44	Hs.79732	9HB	0,80
3110.							arginyl aminopeptidase	
]				(aminopeptidase	
CTG	GGAGAGGC	-2,49	0,33	-3,13	0 44	Hs.5345	B	0,80
3111.			0,00	0,10	0,11	110.0010	protein	0,00
							phosphatase 2	
							(formerly 2A),	
	TTCTTTGT	-2,49	0,33	-3,17	0,45	Hs.91773	cat	0,79
3112.							Ets2 repressor	
							factor	,
		0.40	0.00	2 00	0.47		[Swissprot:	
3113.	CAGGCGGGT	-2,49	0,33	-3,22	0,47	Hs.333069	sp P5	0,77
3113.							EPS8 related protein 2	
GTG	TTGGGGGT	-2,49	0,33	-3,24	0.48	Hs.55016	[Swissprot: sp[Q	0,77
3114.	11000001	2,10	0,00		0,70	110.00010	hypothetical	0,11
							protein	
							FLJ10305	
	GTGTGTGT	-2,49	0,33	-3,28	0,49	Hs.5894	[Swisspro	0,76
3115.							annexin A6	
							[Swissprot:	
	CAAGCCTGA	-2,49	0,33	-3,42	0,54	Hs.118796	sp[P08133;]	0,73
3116.							non-metastatic	
	GGTGGCGC	-2,49	0,33	-3,51	0,57	Un 91607	cells 3, protein	0.74
3117.	000000	-2,43	0,00	-0,01	0,07	Hs.81687	expresse cytoskeleton-	0,71
							associated	
GAT	GTCTCTAG	-2,49	0,33	-3,55	0.58	Hs.74368	protein 4 [Swis	0,70
3118.			-,				selenoprotein T	
							[Swissprot:	
	TGACCAAT	-2,49	0,33	-3,68	0,63	Hs.8148	sp[Q9NZJ3;]	0,68
3119.							protein	
							expressed in	
	TOTO 0 0 0 0 0			2 22	0.55		thyroid	
	CTGTGGGGT	-2,49	0,33	-3,68	<u> </u>	Hs.7486	[Swissprot	0,68

	T					· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		
3120.							heterogeneous	
							nuclear ribonucleoprotei	
	CCTGAAATTTG	-2,49	0,33	-3,7	0.63	Hs.77492	n	0,67
3121.							heterogeneous	0,01
							nuclear	
	TACAATAATTT	0.40	0.00	0.7	0.00	0700	ribonucleoprotei	
3122.	TACAATAATTT	-2,49	0,33	-3,7	0,63	Hs.2730	n h eth etie et	0,67
0122.							hypothetical protein	
							FLJ13194	
	GTGTGGTGGTG	-2,49	0,33	-3,74	0,65	Hs.288932		0,67
3123.							KIAA0123	
		,					protein	4
	GGGCCCCGCAG	-2,49	0,33	-3,78	0.66	Hs.75353	[Swissprot: sp Q10713;	0.66
3124.	-	2,40	0,00		0,00	1 15.7 0000	SH3-domain	0,66
	:						GRB2-like 1	
- 1	AGGGGCGCAGA	-2,49	0,33	-3,87	0,69	Hs.97616	[Swissprot: sp Q	0,64
3125.							protective	
	TTCTCCCGCTT	-2,49	0,33	-3,97	0.70	Un 449496	protein for beta-	0.00
3126.	11010000011	-2,43	0,00	-3,31	0,72	Hs.118126	galactosidas regulator of G-	0,63
							protein signalling	
	ACCTTCCTAGT	-2,49	0,33	-4,06	0,76	Hs.6454	19 int	0,61
3127.	,						guanine	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
			.			·	nucleotide	
	AATTTCTATTT	-2,49	0,33	-4,08	0.76	Hs.5322	binding protein (G pr	0.64
3128.	75.1.1.517.11.1	2,40	0,00	7,00	0,70	113.0022	Homo sapiens,	0,61
							clone	
	OTOTOTO 1 TOT						IMAGE:3633225	
3129.	GTGTCTCATCT	-2,49	0,33	-4,1	0,77	Hs.144904		0,61
3129.						•	adaptor-related protein complex	
	AAGGAAGCAAT	-2,49	0,33	-4,29	0.84	Hs.194703	4 mu 1	0,58
3130.							casein kinase 2,	0,00
							beta polypeptide	
0404	GTGCATCCCGA	-2,49	0,33	-4,64	0,96	Hs.165843		0,54
3131.				Ì			heat shock 70kD	,
	TTTGTAGATGG	-2,49	0,33	4,75	1	Hs.3069	protein 9B (mortalin-2)	0,52
3132.			- 0,00			110.0000	KDEL (Lys-Asp-	0,02
							Glu-Leu)	
							endoplasmic	
	1011100000000	امدما						0.54
3122	GAAAGGTCTGG	-2,49	0,33	-4,87	1,04	Hs.118778		0,51
3133.	GAAAGGTCTGG	-2,49	0,33	-4,87	1,04	HS.118778	protein kinase,	0,51
3133.	GAAAGGTCTGG	-2,49	0,33	-4,87	1,04	Hs.118778	protein kinase, cAMP-	0,51
	TGTGCTAATAT	-2,49 -2,49	0,33	-4,87 -5		Hs.118778	protein kinase, cAMP- dependent,	
3133. 3134.							protein kinase, cAMP- dependent, regulato NADH	0,50
							protein kinase, cAMP- dependent, regulato NADH dehydrogenase	
	TGTGCTAATAT	-2,49	0,33	-5	1,09	Hs.183037	protein kinase, cAMP- dependent, regulato NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1	0,50
3134.					1,09	Hs.183037	protein kinase, cAMP- dependent, regulato NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta s	
	TGTGCTAATAT	-2,49	0,33	-5	1,09	Hs.183037	protein kinase, cAMP- dependent, regulato NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta s MLL septin-like	0,50
3134.	TGTGCTAATAT TGCTGGGTGGG TGGCCTGCCCA	-2,49	0,33	-5	1,09	Hs.183037 Hs.198273	protein kinase, cAMP- dependent, regulato NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta s MLL septin-like fusion	0,50

							breast tumor protein [Sw	
3137.	TCACAGCTGTG	-2,74	1,26	-1,16	0,02	Hs.77054	B-cell translocation gene 1, anti- prolif	2,36
3138.	CCTGTAGTCCT	-2,8	1,1	-1,28	0.08	Hs.179657	plasminogen activator, urokinase	2,19
3139.		-2,9	0,94	-1,18	0,00	Hs.169946	GATA binding protein 3	2,46
3140.	CCCTAGGTTGG	-2,9	0,94	-1,45	0,13	Hs.3989	plexin B2 [Swissprot: sp O15031;sp Q 162	2,00
3141.				,			ras homolog gene family,	
	CACACAGTTTT	-2,9	0,94	-1,75	0,33	Hs.204354	member B [Swis	1,66

PCT/EP2003/014068

Tabelle 11:

WO 2004/059001

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Face/ CGAP	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient (Face/ Breast) / (Face/ CGAP)	İ
3142.	GATTACTTCTC	6,43	0,98	69,87	6,61	Hs.55279	serine (or cysteine) proteinase inhibito	0,09	
3143.	·						hypothetical protein MGC10327		,
	TACCGCTCCCT	4,82	0,88	52,41	8,60	Hs.172803		0,09	
3144.	CAAAGATTATT	4,82	0,72	52,41	5,08	Hs.4	alcohol dehydrogenase IB (class I), beta	0,09	
3145.	CAGTTTTTTC	3,21	0,47	34,94	3.60	Hs.99597	ESTs [Swissprot: none]	0,09	
3146.	CTAAAGCCTTC	3,21	0,47	34,94		Hs.97087	CD3Z antigen, zeta polypeptide (TiT3 com	0,09	
3147.	TTGCAGTTTCT	3,21	0,47	,		, , , , , ,	calcium channel, voltage-		
3148.	TTTCCCTATTG					Hs.89925	dependent, L ty steroidogenic acute regulatory	0,09	
3149.		3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.3132	protein progestin induced protein	0,09	
3150.	TCAGTGTATTG	3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.278428	[Swissprot: s Homo sapiens	0,09	_
0454	GTATTTTTAAA	3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.224431	cDNA: FLJ23552 fis, clone L	0,09	
3151.	ACCOTOTOTTO		0.47	54.54			aldehyde dehydrogenase 3 family,		
3152.	AGCCTGTGTTC	3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.159608	frizzled-related	0,09	
3153.	CTGTTACCAGA	3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.153684	protein [Swissprot: sp ESTs	0,09	
	GCAAGGCAAGA	3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.146010	[Swissprot: none]	0,09	
3154.					11.5		hypothetical protein	_,	
3155.	ATTTACCTGCT	3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.14235	FLJ20008 [Swisspro	0,09	
3100.							asporin (LRR class 1) [Swissprot:		
3156.	AAAATTGTTAG	3,21	0,47	34,94	3,60	Hs.10760	sp Q9	0,09	
3156.	GTAAATATGGT	4,02	1,24	74,87	14 25	Hs.620	bullous pemphigoid	0,05	

					•		antigen 1 (230/240kD)	
3157.	TCACAAAAAA	2,41	0,28	26,2	4 22	Hs.7976	KIAA0332 protein [Swissprot: sp O15042;	0,09
3158.	CAGCAGCTTGT	2,41	0,20	26,2		Hs.55405	hypothetical protein MGC16212 [Swisspro	0,08
3159.	GGCCCAGGCCT	2,41	0,28	31,44		Hs.575	aldehyde dehydrogenase 3 family, memberA	0,08
3160.		2,41	0,28	39,3			Homo sapiens cDNA FLJ31489 fis, clone NT	0,06
3161.	ACTGAGTAGGT	2,41	0,51	104,8 1		Hs.38095	ATP-binding cassette, sub- family A (ABC1	0,02

217

Tabelle 12:

WO 2004/059001

Nr.	Tag-Sequenz	Face/ Breast	Sign.	Face/ CGAP	Sign.	Annotation	Beschreibung	Quotient (Face/ Breast) / (Face/
2400								CGAP)
3162.							ESTs	
	AGATCAGTTGA	-6	1,1	-0,11	۱ ،	 Hs.266619	[Swissprot: none]	54,55
3163.						110.230310	ESTs,	04,00
							Moderately	
			-				similar to	·
	AGACCCTGTCT	-6	1,1	-0,38	ا ا	Hs.217882	ALU1_HUMAN A	15,79
3164.			.,,	5,55	<u>~</u>	110.217002	EST [Swissprot:	10,78
	AGAATGGCGTG	-6	1,1	-0,57	0	Hs.323679	none]	10,53
3165.	AGATTTGGGTA	ا	0.75	0.44			EST [Swissprot:	
3166.	AGATTTGGGTA	4	0,75	-0,11	0,00	Hs.308595	none] hypothetical	36,36
							protein	
							DKFZp434K121	
3167.	AGGACCTGAAG	-4	0,75	-0,19	0,00	Hs.32352	0 [Swi	21,05
3107.							ESTs, Weakly similar to	
1							ALU7_HUMAN	
	AGTAGCTGGGA		0,75	-0,23	0,00	Hs.339010		17,39
3168.	·						SLAC2-B	
	AACATTTAGGA	-4	0,75	-0,23	0.00	U ₀ 12020∩	[Swissprot:	47.00
3169.	7 TO ATT THE CAL	,	0,70	-0,23	0,00	HS.130300	sp Q9Y4D6;] EST, Moderately	17,39
							similar to 160307	
2470	AGACTCTGTCT	-4	0,75	-0,27	0,00	Hs.319516		14,81
3170.							Homo sapiens,	
	AGCTGTCGTAG	-4	0,75	-0,38	0.00	Hs.86674	Similar to RIKEN cDNA 6230	10,53
3171.						1.0.0001	hypothetical	10,00
							protein	
	AATTTGGCTTT	-2	0,4	-0,11		LIo 7704	FLJ22174	40.40
3172.	AA111000111	-2	0,4	-0,11		Hs.7734	[Swisspro protein kinase C	18,18
							binding protein 1	
0.170	AGCACCCTTGT	-2	0,4	-0,11	0	Hs.75871	[Swi	18,18
3173.	ACAAAAAAAAG	3		A 4.4	_	11- 0400=0	EST [Swissprot:	
3174.	AUMAMAMAG	-2	0,4	-0,11	0	Hs.310252	none]	18,18
							Homo sapiens cDNA FLJ20115	
	ACGAAACCTCG	-2	0,4	-0,11	0	Hs.306382	fis, clone CO	18,18
3175.]					Homo sapiens	
	AGCTGAGTTTG	-2	0,4	-0,11	ام	He 200760	cDNA FLJ12327	40.40
3176.			0,4	-0,11	0	Hs.288760	fis, clone MA Homo sapiens	18,18
							mRNA; cDNA	
	ACCTATTTO AC	اء		ا د د	_ [DKFZp434O152	
3177.	ACGTATTTGAG	-2	0,4	-0,11	0	Hs.193488	1 (f	18,18
0177.	ACTTCTGCTTA	-2	0,4	-0,11	0	Hs.13740	Homo sapiens, clone	18,18

	T	r						
							MGC:21518	
3178.					<u> </u>		IMAGE:3900	
0170.	ACATTTGCTTG	-2	0,4	-0,15	ا ا	Hs.348179	[Swissprot: none]	13,33
3179.			0,1	0,10		113.040179	ESTs	10,00
		!					[Swissprot:	
	AATTATTGTTT	-2	0,4	-0,15	0	Hs.87636	none]	13,33
3180.							glutathione S-	
	ACACTTOTOAA					l	transferase M5	
3181.	ACACTTCTCAA	-2	0,4	- 0,15	0	Hs.75652	[Swissprot	13,33
3101.							myosin X [Swissprot:	
		-			-		splO94893;splQ	
	AGCATTAAAAA	-2	0,4	-0,15	0	Hs.61638	9HD6	13,33
3182.					•		EST [Swissprot:	
0400	ACTGGCTCAGG	-2	0,4	-0,15	0	Hs.190719		13,33
3183.							ESTs,	
							Moderately similar to	
	AGGGCTTTCAC	-2	0,4	-0,15	0	Hs.29797	RL10 HUMAN 6	13,33
3184.		_		0,10		113.23737	ESTs, Weakly	10,00
		,					similar to	
	4007070470						ALU1_HUMAN	
3185.	AGCTGTGATGG	-2	0,4	-0,15	0	Hs.249983		13,33
3 100.							Homo sapiens,	
							clone MGC:16479	,
	AGATTACCCAC	-2	0,4	-0,15	0	Hs.192155		13,33
3186.							ESTs	. 10,00
		_ [[Swissprot:	
2407	AGCCCAGCTGG	-2	0,4	-0,15	0	Hs.18857	none]	13,33
3187.				·			eukaryotic	
	AGAAAAAGAAA	-2	0,4	-0,15	٥	Hs.181165	translation elongation factor	40.00
3188.			0,7	-0,10		118.101103	dual-specificity	13,33
							tyrosine-(Y)-	· ·
	AGGACAATGAA	-2	0,4	-0,15	0	Hs.173135	phosphoryl	13,33
3189.							Homo sapiens	
	AAAATACAGTG	ا		0.45	•	11. 400400	cDNA FLJ31941	
3190.	AAAATACAGTG	-2	0,4	-0,15	0	HS.136433	fis, clone NT	13,33
0100.			İ				ESTs [Swissprot:	
	AGGATATTGGA	-2	0,4	-0,15	0	Hs.117721	none	13,33
3191.							KIAA0877	10,00
			• [.	v	protein	Ī
	AGTAATGAAAA	ا	ارم	0.45	ا ِ	11: 4454-	[Swissprot:	
3192.	AGIAAIGAAAA	-2	0,4	-0,15	0	Hs.11217	sp O94954;	13,33
J 102.							cytochrome b- 245, beta	İ
							polypeptide	
	ACTCTGGCTCA	-2	0,4	-0,19	0	Hs.88974	(chro	10,53
3193.							tumor necrosis	
		ا					factor (ligand)	
3194.	AAAAAGGGTTT	-2	0,4	-0,19	0		superfami	10,53
J 184.]			stromal	
							membrane- associated	
	ACTCCATAAAA		ام	0.40	_ [[
	ACTOCATAAAA	-2	0,4	-0,19	01	Hs.4273	protein [Sw	10,53

PCT/EP2003/014068

3195.		_					EST [Swissprot:	
	AATGAGGTGCT	-2	0,4	-0,19	0	Hs.128400	none]	10,53
3196.							ESTs, Highly	
							similar to	
							HSJ2_HUMAN	
	AGCTTGAGTTC	2	0,4	-0,19	0	Hs.181195	DNAJ	10,53
3197.							ESTs	
							[Swissprot:	
	AGCCACTCTGC	-2	0,4	-0,19	0	Hs.290867	none]	10,53
3198.	•						diaphorase	
							(NADH)	
							(cytochrome b-5	
	AGACATTGACA	-2	0,4	-0,19	0	Hs.274464	reduct	10,53
3199.				,			ESTs	
							[Swissprot:	
	AACTTTCCAAA	-2	0,4	-0,19	0	Hs.23457	none]	10,53
3200.	,						ESTs	
							[Swissprot:	
	AAAAGCTGTTT	-2	0,4	-0,19	. 0	Hs.15550	none]	10,53
3201.	` 		- 1				DKFZP434I092	
							protein	
		.	1				Swissprot:	
<u> </u>	AGAAGCTCCAG	-2	0,4	-0,19	0	Hs.120021		10,53

219

PCT/EP2003/014068

Patentansprüche

- Verfahren zur Identifizierung der für die Gesichtshaut bedeutsamen Gene bei Menschen in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) ein erstes Gemisch von in humaner Gesichtshaut exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus humaner Gesichtshaut gewinnt,
- b) ein zweites Gemisch von in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut exprimierten, d. h. transkribierten und gegebenenfalls auch translatierten genetisch codierten Faktoren, also von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere aus Haut geschützter Areale, vorzugsweise aus Brusthaut gewinnt und
- c) die in a) und b) gewonnenen Gemische einer Seriellen Analyse der Genexpression unterwirft, und dadurch die Gene identifiziert, die in Gesichtshaut und sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut unterschiedlich stark exprimiert werden.
- 2. Verfahren zur Bestimmung der Homeostase humaner Gesichtshaut bei Menschen in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus humaner Gesichtshaut gewinnt,
- b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die mittels Serieller Analyse der Genexpression als in humaner Gesichtshaut und sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut differentiell exprimiert identifiziert werden,
- c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den mittels Serieller Analyse der Genexpression identifizierten Expressionsmustern vergleicht und

- d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder bzw. in Homeostase befindlicher humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in Gesichtshaut stärker exprimiert werden humaner als in menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut stärker exprimiert werden als in humaner Gesichtshaut.
- 3. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 11 und 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen
 und 12 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
- in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner c) Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut stärker exprimiert werden als in sonstigen Geweben, insbesondere in menschlichen Haut geschützter Areale. vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut stärker exprimiert werden als in humaner Gesichtshaut.

- 4. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 9 und 10 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- b) in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 9 und 10 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
- c) in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.
- 5. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 7 und 8 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- b) in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 7 und 8 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
- c) in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder

humaner Gesichtshaut mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält. die in sonstigen menschlichen insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

- 6. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 5 und 6 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in den Tabellen 5 b) und 6 in Spalte 3 und Spalte 5 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
- in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner c) Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die sonstigen menschlichen Geweben, in insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.
- 7. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
- in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-

- Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 4 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- b) in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 4 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
- c) in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 1,9-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.
- 8. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 3 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- b) in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 3 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
- c) in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder

mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 3-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

- 9. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 2 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- b) in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 2 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und
- c) in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 5-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

10. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, daß man

- a) in Schritt b) das gewonnene Gemisch auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in Tabelle 1 in Spalte 5 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden,
- b) in Schritt c) die Untersuchungsergebnisse aus b) mit den in Tabelle 1 in Spalte 3 angegebenen Expressionsquotienten vergleicht und

c) in Schritt d) das in b) untersuchte Gemisch gesunder humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in gesunder humaner Gesichtshaut mindestens 10-fach so stark exprimiert werden wie in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut, oder das in b) untersuchte Gemisch kranker bzw. in gestörter Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn es überwiegend Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen enthält, die in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut mindestens 10-fach so stark exprimiert werden wie in humaner Gesichtshaut.

226

- 11. Verfahren zur Bestimmung der Homeostase der Gesichtshaut bei Menschen, insbesondere bei Frauen, in vitro, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man
- a) ein Gemisch von Proteinen, mRNA-Molekülen oder Fragmenten von Proteinen oder mRNA-Molekülen aus humaner Gesichtshaut gewinnt,
- in dem gewonnenen Gemisch mindestens zwei der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen quantifiziert, die mittels eines Verfahrens nach Anspruch 1 als für Gesichtshaut bedeutsam identifiziert werden,
- die Expressionsverhältnisse der mindestens zwei Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen zueinander bestimmt und den Expressionsquotienten bildet,
- d) die Expressionsverhältnisse aus c) mit den Expressionsverhältnissen vergleicht, die für die in b) quantifizierten Moleküle typischerweise in humaner Gesichtshaut bzw. in sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut vorliegen, insbesondere mit den Expressionsverhältnissen, die sich aus den Tabellen 1 bis 4, Spalte 3 bzw. den Tabellen 5 bis 12, Spalten 3 und 5 ergeben, und
- e) das in a) gewonnene Gemisch gesunder bzw. in Homeostase befindlicher humaner Gesichtshaut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen in humaner Gesichtshaut entsprechen, oder das in a) gewonnene Gemisch kranker bzw. in gestörter

Homeostase befindlicher Gesichtshaut zuordnet, wenn die Expressionsverhältnisse der untersuchten Haut den Expressionsverhältnissen sonstigen menschlichen Geweben, insbesondere in Haut geschützter Areale, vorzugsweise in Brusthaut entsprechen.

- 12. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß man die Untersuchung in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der Proteine oder Proteinfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter
 - i. Ein- oder zweidimensionaler Gelelektrophorese
 - ii. Affinitätschromatographie
 - iii. Protein-Protein-Komplexierung in Lösung
 - iv. Massenspektrometrie, insbesondere Matrix Assistierter Laser Desorptions lonisation und insbesondere
 - v. Einsatz von Proteinchips, oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.
- 13. Verfahren nach Anspruch 11, dadurch gekennzeichnet, daß man die Quantifizierung mindestens zweier Proteine oder Proteinfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter
 - i. Ein- oder zweidimensionaler Gelelektrophorese
 - ii. Affinitätschromatographie
 - iii. Protein-Protein-Komplexierung in Lösung
 - iv. Massenspektrometrie, insbesondere Matrix Assistierter Laser Desorptions Ionisation und insbesondere
 - v. Einsatz von Proteinchips, oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.
- 14. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 10 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß man die Untersuchung in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von mindestens einem der mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter

- i. Northern Blots,
- ii. Reverse Transkriptase Polymerasekettenreaktion,
- iii. RNase-Schutzexperimente,
- iv. Dot-Blots,
- v. CDNA-Sequenzierung,
- vi. Klon-Hybridisierung,
- vii. Differential Display,
- viii. Subtraktive Hybridisierung,
- ix. cDNA-Fragment-Fingerprinting,
- x. Total Gene Expression Analysis
- xi. Serielle Analyse der Genexpression,
- xii. Massively Parallel Signature Sequencing und insbesondere
- xiii. Einsatz von Nukleinsäurechips, oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.
- 15. Verfahren nach Anspruch 11 oder 13, dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) die Quantifizierung mindestens zweier mRNA-Moleküle oder mRNA-Molekülfragmente mittels einer Methode durchführt, die ausgewählt ist unter
 - i. Northern Blots,
 - ii. Reverse Transkriptase Polymerasekettenreaktion,
 - iii. RNase-Schutzexperimente,
 - iv. Dot-Blots,
 - v. CDNA-Sequenzierung,
 - vi. Klon-Hybridisierung,
 - vii. Differential Display,
 - viii. Subtraktive Hybridisierung,
 - ix. cDNA-Fragment-Fingerprinting,
 - x. Total Gene Expression Analysis,
 - xi. Massively Parallel Signature Sequencing,
 - xii. Serielle Analyse der Genexpression, und insbesondere
 - xiii. Einsatz von Nukleinsäurechips,
 - oder mittels geeigneter Kombinationen dieser Methoden.

- 229
- 16. Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 10, 12 und 14, dadurch gekennzeichnet, daß man in Schritt b) auf das Vorhandensein und gegebenenfalls die Menge von 1 bis etwa 5000, bevorzugt 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen untersucht, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden.
- 17. Test-Kit zur Bestimmung der Homeostase der Gesichtshaut bei Menschen in vitro, umfassend Mittel zur Durchführung der Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 16.
- 18. Biochip zur Bestimmung der Homeostase der Gesichtshaut bei Menschen in vitro, umfassend
 - i. einen festen, d. h. starren oder flexiblen Träger und
 - ii. auf diesem immobilisierte Sonden, die zur spezifischen Bindung an mindestens eines der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen befähigt sind, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, insbesondere solche, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 durch folgende UniGene-Accession-Numbers definiert werden:
 - Tabelle 1: Hs.112457, Hs.83190, Hs.80342, Hs.198862, Hs.295726,
 Hs.100000, Hs.334309, Hs.790, Hs.3416, Hs.277543, Hs.251531,
 Hs.79732, Hs.75777, Hs.99853, Hs.172928, Hs.159263;
 - Tabelle 2: Hs.344027, Hs.245188, Hs.77910, Hs.77060, Hs.75318,
 Hs.74304, Hs.3416, Hs.18420, Hs.334305, Hs.287820, Hs.117938;
 - Tabelle 3: Hs.344027, Hs.296049, Hs.2785, Hs.75445, Hs.75736,
 Hs.74471, Hs.11050, Hs.334822, Hs.38991, Hs.288998, Hs.239189,
 Hs.149609, Hs.17409;

- Tabelle 4: Hs.153179, Hs.73995, Hs.111301, Hs.119301,
 Hs.172928, Hs.14376..
- 19. Biochip nach Anspruch 18, umfassend 1 bis etwa 5000, bevorzugt 1 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 500, vorzugsweise etwa 10 bis etwa 250, besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 100 und ganz besonders bevorzugt etwa 10 bis etwa 50 voneinander verschiedene Sonden.
- 20. Biochip nach Anspruch 18 oder 19, umfassend Nukleinsäuresonden, insbesondere RNA- oder PNA-Sonden, besonders bevorzugt DNA-Sonden.
- 21. Biochip nach Anspruch 20, umfassend Sonden mit einer Länge von etwa 10 bis etwa 1000, insbesondere etwa 10 bis etwa 800, vorzugsweise etwa 100 bis etwa 600, besonders bevorzugt etwa 200 bis etwa 400 Nukleotiden.
- 22. Biochip nach Anspruch 18 oder 19, umfassend Peptid- oder Proteinsonden, insbesondere Antikörper.
- 23. Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, als Marker der Gesichtshaut bei Menschen.
- 24. Testverfahren zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut in vitro, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 15, oder mittels eines Test-Kits nach Anspruch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 22, bestimmt,
- b) einen Wirkstoff gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut einmal oder mehrmals auf die Gesichtshaut aufbringt,

- c) erneut den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 15, oder mittels eines Test-Kits nach Anspruch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 22, bestimmt, und
- die Wirksamkeit des Wirkstoffs durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) ermittelt.
- 25. Test-Kit zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut, umfassend Mittel zur Durchführung des Testverfahrens gemäß Anspruch 24.
- 26. Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, zum Nachweis der Wirksamkeit von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut.
- 27. Screening-Verfahren zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut in vitro, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man
- a) den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 15, oder mittels eines Test-Kits nach Ansprüch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 22, bestimmt,
- b) einen potentiellen Wirkstoff gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut einmal oder mehrmals auf die Haut aufbringt,
- c) den Hautstatus humaner Gesichtshaut durch ein Verfahren nach einem der Ansprüche 2 bis 15, oder mittels eines Test-Kits nach Anspruch 17, oder mittels eines Biochips nach einem der Ansprüche 18 bis 22, bestimmt,

- d) wirksame Wirkstoffe durch den Vergleich der Ergebnisse aus a) und c) ermittelt.
- 28. Verwendung der Proteine, mRNA-Moleküle oder Fragmente von Proteinen oder mRNA-Molekülen, die in den Tabellen 1 bis 4 in Spalte 5 und in den Tabellen 5 bis 12 in Spalte 7 durch ihre UniGene-Accession-Number definiert werden, zur Identifikation von kosmetischen oder pharmazeutischen Wirkstoffen gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut.
- 29. Verfahren zur Herstellung einer kosmetischen oder pharmazeutischen Zubereitung gegen Erkrankungen oder Beeinträchtigungen der Homeostase humaner Gesichtshaut, dadurch gekennzeichnet, daß man
- a) wirksame Wirkstoffe mit Hilfe des Screening-Verfahrens nach Anspruch 27,
 oder der Verwendung nach Anspruch 28 bestimmt und
- b) als wirksam befundene Wirkstoffe mit kosmetisch und pharmakologisch geeigneten und verträglichen Trägern vermischt.

SEQUENCE LISTING - SEQUENZPROTOKOLL - enthaltend die Sequenzen aus den Tabellen 1 bis 12 (Sequenzen 1 bis 3201) der nachfolgend genannten Patentanmeldung

<110>	Henkel Kommanditgesellschaft auf Aktien
<120>	Verfahren zur Bestimmung von Markern humaner Gesichtshaut
<130>	H 05704 PCT
<150>	102 60 928.4-41
<151>	2002-12-20
<160>	3201
<170>	SeqWin99, version 1.02
<210>	1
<211>	11
<212>	DNA
<213>	Homo Sapiens
<400>	1
ttacttc	ccc a 11
<210>	2
<211>	11
<212>	DNA
<213>	Homo Sapiens
<400>	2
agcgctg	att c 11
<210>	3
<211>	11
<212>	DNA
<213>	Homo Sapiens
<400>	3
tggcccc	agg t 11
<210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo Sapiens
<400>	4
tttctag	ttt g
<210>	5
<211>	11
<212>	DNA
<213> <400> tgaggga	Homo Sapiens 5 ata a 11
<210><211><212><213>	6 11 DNA Homo Sapiens

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> 6 ggtttggctt a	11
<210> 7 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 7 atctttaaa a	. 11
<210> 8 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 8 attttgataa t	11
<210> 9 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 9 tacaaaacca t	. 11
<210> 10 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 10 tggaactgtg a	11 .
<210> 11 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 11 tgatctccaa a	11
<210> 12 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 12 taataaagaa t	. 11
<210> 13 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 13 gacatatgta g	11
<210> 14 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	

DNA

<212>

PCT/EP2003/014068

<400> 14 11 taaccaatca g <210> 15 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 15 11 catctaaact g 16 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 16 11 aataaatgga t <210> 17 <211> 11 <212> DNA Homo Sapiens <213> <400> 17 11 ctgttagtgt g <210> 18 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 18 11 tacccctgaa c 19 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 19 11 tacaataaac c 20 <210> 11 <211> <212> DNA Homo Sapiens <213> <400> 20 11 cagactatgt t <210> 21 <211> <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 21 11 tgtataaaaa t <210> 22 11 <211>

	WO 2	2004/059001	PC1/EP2003/014008
	<213> Ho	omo Sapiens	
	<400> 22 taaagcagta		11
	<400> 23		11
	<400> 2 tacattata		11
	<211> 1 <212> D	5 1 NA omo Sapiens	
	<400> 2 aaagtcaga	5 a g	11
	<211> 1 <212> D	10 1 DNA Iomo Sapiens	
	<400> 2	e6 yt a	. 11
	<211> 1 <212> 1	27 L1 DNA Homo Sapiens	
•	<400> 2	27 ga c	11
	<211> 1 <212> I	28 11 DNA Homo Sapiens	
	<400> 2	28 ga a	11
٠	<211> <212>	29 11 DNA Homo Sapiens	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •
	<400> acttaagg	29 aa c	11
		30 11	

••		101/212000/011000
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400> tttcaga	30 gag a	11
<210> <211> <212> <213>	31 11 DNA Homo Sapiens	
<400> taaactt	31 ccaa t	11
<210> <211> <212> <213>	32 11 DNA Homo Sapiens	
<400> aaagcad	32 caag t	. 11
<210> <211> <212> <213>	33 11 DNA Homo Sapiens	
<400>	33 tagt g	11
<210> <211> <212> <213>	34 11 DNA Homo Sapiens	
<400> tggcaa	34 cctt t	. 11
<210> <211> <212> <213>	35 11 DNA Homo Sapiens	
_	35 macgt c	11
<210> <211> <212> <213>		
<400> taatto	36 ettet e	11
<210> <211> <212>	11 DNA	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<213> <400> ggcaca		11
<210>		

WO 2004/059001	PCT/EP20	03/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 38 tcctggggca g		11 .
<210> 39 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	5	
<400> 39 aaataaagaa t		11
<210> 40 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapien	s	
<400> 40 gtggagggca c		11
<210> 41 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapien	s	
<400> 41 tacataatta c		11
<210> 42 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapien	s	
<400> 42 atggctaage t		11 .
<210> 43 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	ıs	
<400> 43 ttgggggtgt a		11
<210> 44 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	ns	
<400> 44 taaagctgtt a		. 11
<210> 45 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	าร	
<400> 45 taaaccggaa t		11

WO 2004/05	59001		PCT/EP2003/014068
<210> 46 <211> 11 <212> DNA <213> Homo 3	Sapiens		
<400> 46 ttagcaataa a			11
<210> 47 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 47 tggtagttac c			11
<210> 48 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 48 atgcttgctt g	Dapieno	•	11
<210> 49 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 49 ccaactgact t	•		11
<210> 50 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 50 gacgtcttaa t			11
<210> 51 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 51 gggtgcaaaa a			11
<210> 52 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 52 tacatccgaa t	**************************************		11
<210> 53 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 53 gtgggggag g		7/407	11

<211> <212>	54 11 DNA Homo	Sapiens		
<400> gtgatggt	54 gt a			11
<211> <212>	55 11 DNA Homo	Sapiens		
<400> ccgtgctc	55 at c			11
<211> <212>	56 11 DNA Homo	Sapiens		
<400> acagtggg	56 ga t			11
<211> <212>	57 11 DNA Homo	Sapiens		
<400> cagctggc	57 cc a			11
<211> <212>	58 11 DNA Homo	Sapiens		
<400> catcacgg	58 at c			11
<211> <212>	59 11 DNA Homo	Sapiens		
<400> gaaacaag	59 at g			11
<211> <212>	60 11 DNA Homo	Sapiens		
<400> ggccatct	60 ct t			11
<211> <212>	61 11 DNA Homo	Sapiens		
	61	-	01407	

W O 2004/059001	PC1/EP2005/014008	
tatgtttcag g	11	
<210> 62		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 62		
gaaataaaag c	11	
<210> 63		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
4400		
<400> 63	11	
ctgctaggaa a	11	
<210> 64		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 64		
gctgctccct t	11	
<210> 65		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 65		
gtgaacttta t	. 11	
<210> 66	•	
<211> 11	•	
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
·		
<400> 66		
tatggggaag t	· 11	
<210> 67		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 67		
gtttctgcaa t	11	
geeloegodd e	7.1	
<210> 68		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens	and the second of the second o	
<400> 68		-
ttaacactgt g	11	
Z010\ C0		
<210> 69		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		

WO 2004/0	59001			PCT/EP2003	3/014068
<400> 69 gtgattatga t					11
<210> 70 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 70 tcctcaagat a					11
<210> 71 <211> 11 <212> DNA	Sapiens				
<400> 71 ggctgtaccc a					11
<210> 72 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 72 ggggtaagaa a					11
<210> 73 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		·		
<400> 73 agtttcccaa t				,	11
<210> 74 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 74 ttgggatggg a					11
<210> 75 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 75 agattcaaac t					11
<210> 76 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				. <u>.</u> .
<400> 76 taaggagetg a					11
<210> 77 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	10/407			

<400> gtggcgg	77 Igag c				11
<210> <211> <212>	78 11 DNA				
<213>		Sapiens			
<400> actgtaa	78 itac c				11
<210> <211>	79 11				
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens			
<400>	79				
cctgtgg	stct c				11
<210>	80		•		
<211> <212>	11 DNA				
<213>		Sapiens			
<400>	80				
agcccgg					11
<210>	81				
<211>	11				
<212> <213>	DNA	Sapiens			
		sapiens			
<400> gggcctg	81				
					11
<210> <211>	82 11		•		
<211>	DNA			•	
<213>	Homo	Sapiens			
<400>	82				
cgtgtaa					11
<210>	83				
<211>	11				
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens			
		•			
<400> gtggaac	83 ecct a				11
					77
<210> <211>	84 11				,
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens			
<400>	84				
gtggcac	catt c				11
<210>	85				
<211>	11 DNA				
<212>	DNA				

WO 2004/0	059001]	PCT/EP2003/0140	68
<213> Homo	Sapiens				
<400> 85 cctgtaatca c				11	
<210> 86 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 86 cctgtagtac c	,			. 11	
<210> 87 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 87 gccaaggggc c				11	-
<210> 88 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 88 tagctgctgg t				11	
<210> 89 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 89 aaggtagcag a				11	
<210> 90 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 90 ggccctaggc a	ı			11	
<210> 91 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,			·
<400> 91 gtggtgggtg c	:			11	•
<210> 92 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 92 gtgaaacccg g	ı .			11	
<210> 93 <211> 11					

WO 20)04/05	9001	PC1/EP200	3/014068
			*	
	NA	Gara have a		
<213> H	omo	Sapiens		
<400> 9	13			
ttggctttt				11
ccggocccc				
<210> 9	4			
<211> 1	.1			
<212> D	NA			
<213> H	lomo	Sapiens	•	
		•		
	4			11
cacctgtaa	it c			TT
<210> 9) 5			
	1		•	
	ONA			4
		Sapiens	1	
		•		
	95			-
acaactttt	a t		•	11
.010.				
	96			
	l1 DNA			
		Sapiens		
\213\/ II	101110	Sapiens		
<400> 9	96			
gtggcaggt		•		11
	97			
	l1			
	ONA			
<213> H	lomo	Sapiens		
<400> 9	97			
gcaaaatcc				11
gouddago		•		
<210> 9	98			
	11			
	ANC			
<213> F	Homo	Sapiens	•	
	98			
acgaaacc	ct g			11
<210> 9	99			
	99 11			
	DNA			
		Sapiens		
,				
<400>	99			
tctgttgtt	tc a			11
	100			-
	11			
	DNA	Gamilian -		
<213> I	ното	Sapiens		
<400>	100	•		
aggtcagaa				11
aggeoagae	9 ~			- -
<210>	101			

WO 2004/	59001	PCT/EP200	03/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 101 ctccctctgc c			11
<210> 102 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 102 gaccctgccc t			11
<210> 103 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 103 ttgaaacccc a			11
<210> 104 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	٠	
<400> 104 cctgtagtct c			11
<210> 105 <211> 11 <212> DNA		,	
	Sapiens		
<400> 105 ccactgcgct c			11
<210> 106 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 106 gtggcacaca c			11
<210> 107 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 107 acaggctacg g		· .	11
<210> 108 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·.	
<400> 108 atggtggggg a			11

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068	
<210> 109 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 109 gtggcgtgca c			
<210> 110 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 110 tgcctgtggt o	Sapiens	11	
<210> 111 <211> 11	•		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
atggcaggtg c		11	
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 112 ggtgacagag c		11	
<210> 113 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
<400> 113			
<210> 114 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 114 ccgtggtcgt g	Sapiens		
<210> 115 <211> 11		11	
<212> DNA <213> Homo <400> 115	Sapiens		
agcctggact g		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
<211> 11 <212> DNA	Sapiens		
<400> 116 gaccccaagg c		11	

<211> <212>	17 1 NA omo Sapiens		
<400> cctataat	17 t c		11
<211> <212>	18 1 NA omo Sapiens		
<400> ccagctgc	18 a a		11
<211> <212>	19 1 NA omo Sapiens		
<400> cctatagt	19 c c		11
<211> <212>	20 1 NA omo Sapiens		
<400> atgtaggt	20 c c		11
<211> <212>	21 1 NA omo Sapiens		
<400> tgcctgta	21 t c		11
<211> <212>	22 1 NA omo Sapiens		
<400> acccccc	22 c c		11
<211> <212>	23 1 NA omo Sapiens		
<400> cctgtggt	23 c c		11
<211> <212>	24 1 NA omo Sapiens		
<400>	24	16/407	•

WO 2004/0	959001	PCT/EP2003/014068
aggctcctgg c		11
<210> 125 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 125 ttccaaggca g		. 11
<210> 126 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 126 acccacgtca g		11
<210> 127 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 127 actgcccgct g		11
<210> 128 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 128 ctgacttgtg t		11
<210> 129 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 129 cacctgtggt c		11
<210> 130 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 130 gaagatgtgg g		11
<210> 131 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 131 cgaggggcca g		11
<210> 132 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WO 2004/059001	PCT/EP20	03/014068
<400> 132 tagtcccagc t		11
<210> 133 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 133 ctttattcca g		11
<210> 134 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		,
<400> 134 gtgctaagcg g		11
<210> 135 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 135 ctcgttaaga g		11
<210> 136 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 136 gtgaagcccc g		11
<210> 137 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 137 gtgaaacett g		11
<210> 138 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 138 cgcctgtagt c		11
<210> 139 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 139 ccagggcaac a		11
<210> 140 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	•	

• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •		101/212000,011000
	·	
<400>	140	
gagaat	gaca g	11
	-	
<210>	141	
<211>	11 .	
<212>	DNA	•
<213>		
\Z13 /	Homo Sapiens	
44005		
<400>	141	
acaaga	attg t	11
	•	
<210>	142	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
	-	
<400>	142	
ggcatt		11
33		11
<210>	143	
<211>	11	
<212>		
	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	143	
gattgt	gcaa g	. 11
<210>	144	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
	• · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
<400>	144	
tctgaat		11
J	5-	. 11
<210>	145	· ·
<211>	11	•
<212>	DNA	
<213>		
\213/	Homo Sapiens	
<100>	1.45	
<400>	145	
taataa	agca t	11
<210>	146	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	146	•
taattad		11
		т.
<210>	147	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
4400:	1.45	
<400>	147	
ccacgg	gatt c	11
<210>	148	
<211>	11	
<212>	DNA	
\Z1Z/		

wo	2004/059	001					PCT/EP20	03/01406	8
<213>	Homo S	apiens							
<400>	148								
agctggt								11	
<210>	149								
<211>	11								
<212> <213>	DNA Homo S	apiens							
<400>	149					•			
atgcago				٠				11	
<210>	150								
<211>	11								
<212> <213>	DNA Homo S	apiens							
<400>	150	артепа							
attaaac								11	
<210>	151				4				
<211> <212>	11 DNA								
<213>		Sapiens							
<400>	151						•		
tgctact								11	
				,					
<210>	152								
<211> <212>	11 DNA								
<213>		apiens							
<400>	152								
ctttct								11	
<210>	153								
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>		Sapiens	•	*					
<400> tggtttt	153 :tag a							11	
								11	
<210>	154								
<211> <212>	11 DNA								
<213>		Sapiens							
<400>	154	-ap-0110				-			
ttgtggg								11	
<210>	155								
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>		Sapiens							
<400>	155								
ttattta	itga a							11	
<210>	156								
<211>	11								

W	O 2004/059001		PCT/EP2003/014068
<212> <213>	DNA Homo Sapiens		
<400> ttgcaat	156 atc a		. 11
<210> <211> <212>	157 11 DNA		
<213> <400>	Homo Sapiens		11
tcaacac			
<210> <211> <212> <213>	158 11 DNA Homo Sapiens	•	
<400> gcataat	158 agg g		11
<210> <211> <212> <213>	159 11 DNA Homo Sapiens	•	
<400> ccattct	159		, 11
<210> <211> <212> <213>	160 11 DNA Homo Sapiens		
<400> agaatt	160 gtgt g		11
<210><211><211><212>	161 11 DNA		
<213> <400> gcaaac	Homo Sapiens 161 aatc a		11
<210> <211> <212> <213>	162 11 DNA Homo Sapiens		•
<400> ttaata	162 aaag t		11
<210> <211> <212> <213>	163 11 DNA Homo Sapiens		,
<400> tccctq	163 gcat c		11
<210>	164	21/407	

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 164 catacattgg c		11
<210> 165 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ns	
<400> 165 ttgatgtaca g		. 11
<210> 166 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ns	
<400> 166 gcacaagaag a		. 11
<210> 167 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ns	
<400> 167 catttcataa c		11
<210> 168 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie:	ns	
<400> 168 cgattctgga g		11
<210> 169 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ns	
<400> 169 cagagatgaa t		. 11
<210> 170 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapies	ns	
<400> 170 ttatgtttaa t		11
<210> 171 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	ns	
<400> 171 tctgtcaaga c		11

WO 2004/0	59001			P	CT/EP2003/01400	58
<210> 172 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 172 gggaataaac c	<i>:</i>				11	
<210> 173 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 173 aaagtgaaga t					11	
<210> 174 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 174 gttgtctttg g				•	11	
<210> 175 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 175 ggataaatgc c	:			-	11	
<210> 176 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			·		
<400> 176 tgaagtaaca a				. •	11	
<210> 177 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		·			
<400> 177 ctgaaggctg a					11	
<210> 178 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 178 taatactttt g	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·				11	
<210> 179 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 179 gagcgggatg g		23/	407		11	

W O 2004/059001	PC 1/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	180 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> gaggagg	180 gtg a				11
<210> <211> <212> <213>	181 11 DNA Homo	Sapiens		·	
<400> aaaataa	181 acc t				11
<210> <211> <212> <213>	182 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> tgggctg	182 ggg t				11
<210> <211> <212> <213>	183 11 DNA Homo	Sapiens			•
<400> tggaacc	183 ttg c				11
<210> <211> <212> <213>	184 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> gaatttt	184 ata a	٠			11
<210> . <211> <212> <213>	185 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> gcatatt	185 aaa a				11
<210> <211> <212> <213>	186 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> actggta	186 aaa a	,			·
<210> <211> <212> <213>	187 11 DNA Homo	Sapiens			
<400>	187		24/407		

W O 2004/	059001	PC1/EP2003/014008
aaagaaagtg g		11
<210> 188		
<211> 133		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
\213> HOMO	papiens	
<400> 188		
aagattggtg g		11
,		
<210> 189		
<211> 11	•	
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
4400> 100		
<400> 189		11
tcttaatgaa g	· .	
<210> 190		
<211> 11		•
<212> DNA		
	Sapiens	•
	-	
<400> 190		
aaaaataaag g	ſ	11
<210> 191		
<211> 11		
<212> DNA	Conton	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 191		
cagtactgta t		11
<210> 192		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	•
<400> 192		
ataaaaagaa a		11
acadadagaa c		
<210> 193	•	
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 193		4.4
tccatccctt o		11
<210> 194		
<211> 134		
<211> DNA		
	Sapiens	
		*
<400> 194		
aatatgtggg (11
<210> 195		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Home	o Sapiens	

WU	2004/0	59001				PCI	./EP2003/0140	08
<400>	195							
aaaataaa	ıga g						11	
<210>	196							
<211>	11							
	DNA						_	
		Sapiens		•				
		-						
<400>	196							
tgtgaaaa	ata a						11	
6010 5	107							
<210> <211>	197							
	11 DNA							
		Sapiens						
(213)	1101110	Dapiens						*
<400>	197				-			
ggagggat	ca g						11	
					•			
<210>	198			•				
<211>	11							
<212>	DNA	0						
<213>	ното	Sapiens						
<400>	198							
aataaago			* ;			-	11	
			•					
<210>	199							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	199							
atageete							11	
acagooc	JCC 4							
<210>	200							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<100×	200							
<400> aggcttta	200						11	
aggettte	aty y						11	
<210>	201							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
4400÷	0.01							
<400> ctccaata	201					•	11	
CLCCaala	aaa a						11	
<210>	202							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
			•				,	
<400>	202				-		4 4	
ggaatga	ada d						11	
<210>	203							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
		-		26/407				

W U 2004/059001	PC1/EP2003/014068	

<400> gcgcaga	203 ggt t					11
<210> <211> <212> <213>	204 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> tcagact	204 ttt g				•	11
<210> <211> <212> <213>	205 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> taagtag	205 caa a					11
<210> <211> <212> <213>	206 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ttaaacc	206 tca a					11
<210> <211> <212> <213>	207 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ttgacac	207 ttt c					11
<210> <211> <212> <213>	208 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> caataaa	208 tgt t					11
<210> <211> <212> <213>	209 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> tttctag	209 ggg t					11
<210> <211> <212> <213>	210 11 DNA Homo	Sapiens	·	4 jul a	 	
<400> ctgggtt	210 aat a					11
<210> <211> <212>	211 11 DNA			27/407		

WO 2004/0	159001	PC 1/EP2003/014008
<213> Homo	Sapiens	
<400> 211 gtggctcaca c		11
<210> 212 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 212 cctgtaattc c		11
<210> 213 <211> 11	•	
<212> DNA	and the second s	
	Sapiens	
<400> 213 gtggtgggca c		11
<210> 214 <211> 11		
<212> DNA	Sapiens	
<400> 214		
gtggcgtgtg c		11
<210> 215		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 215 ccactgcact t		11
<210> 216 <211> 11		
<212> DNA	Saniona	•
	Sapiens	
<400> 216 gtgaagcccc a		11
<210> 217 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 217	dapione	
agccaccgtg c		11 .
<210> 218 <211> 11		
<212> DNA	Sapiens	
	~~F ~~	
<400> 218 gcgaaaccct g		11
<210> 219		
<211> 11	20//05	

W	/O 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400>	219 aat c	. 11
<210> <211> <212>	220 11 DNA	
<213> <400> gtggcag	Homo Sapiens 220	11
<210> <211>	221 11	
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400> gtggcgg		11
<210> <211> <212> <213>	222 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gagaaa		11 .
<210> <211> <212> <213>	223 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gtgaaa	223 teet g	11
<210> <211> <212> <213>	224 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gtggtg	224 gcaca c	11
<210> <211> <212> <213>	225 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gtggcg	225 gcaca c	11
<210><211><211><212><213>	226 11 DNA Homo Sapiens	
<400> cctgc	226 aatcc c	11
<210>	227	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 227 agatgagatg a		11
<210> 228 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 228 gtggcacgtg c		11
<210> 229 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 229 ccactgcact g		11
<210> 230 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 230 cctgtaatcc t		11
<210> 231 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 231 agccactgcg c		11
<210> 232 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 232 cttcctggcc t		11
<210> 233 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 233 accgcctgtg g		
<210> 234 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 234 ggctgatgtg g		11

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<210> 235 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 235 ccaggcacgc t		11
<210> 236 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 236 gtgaaacgcc a		11
<210> 237 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 237 cttgtagtcc c		11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 238 ggtgaagaca a		. 11
<210> 239 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 239 cctgttatcc c		11
<210> 240 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 240 aaaagaaact t		11
<210> 241 <211> 11	en en announce par montante en en announce de la company de la company de la company de la company de la compa	The second of th
<211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 241 cctgtggtcc t		11
<210> 242		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 242 gcaaaaccct a		11
	31/407	

***	2004/0	57001				1 (1/1/21/20	05/01400
<210> <211> <212> <213>	243 11 DNA Homo	Sapiens		•			
<400> gtggtgg	243 geg e						11
<210> <211> <212> <213>	244 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> cttgtaa	244 tcc c				•		11
<210> <211> <212> <213>	245 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> cctgaaa	245 tcc c						11
<210> <211> <212> <213>	246 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> ggctgag							11
<210> <211> <212> <213>	247 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> cgcagtg <210>	247 tcc t 248	•					11
<211> <211> <212> <213>	11 DNA	Sapiens	d				
<400> ctgtact <210>	248 tgt g 249						11
<211> <211> <212> <213>	11 DNA	Sapiens					
<400> gggtggg	249 gtt g	. I				₹' '	11
<210> <211> <212> <213>	250 11 DNA Homo	Sapiens					·
<400>	250						

WU 2004	/059001	PC1/EP2003/014008
gtggcatatg o		11
<210> 251 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 251 gacccgggag g	Į.	11
<210> 252 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 252 tctgctaaag a	ı	11
<210> 253 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 253 gcctggtgac c		11
<210> 254 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 254 aagcgggacc t		11
<210> 255 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 255 gcaaaacctt g		-11
<210> 256 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 256 gcaaaactcc a		11
	Sapiens	
<400> 257 agccgagatc g		11
<210> 258 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

	WO 200	04/059001	PCT/E	P2003/014068
	<400> 25			11
	<210> 25 <211> 11 <212> DN <213> Ho			
	<400> 25 aacgctgcga			11
•	<210> 26 <211> 11 <212> DN <213> Ho		· ·	
	<400> 26			11
	<210> 26 <211> 11 <212> DN <213> Ho	L		
	<400> 26		•	11
	<210> 26 <211> 11 <212> DN <213> Ho	L		
	<400> 26			11
	<211> 11 <212> Di	53 L NA omo Sapiens		
		63		11
	<211> 1: <212> DI	64 1 NA omo Sapiens		
	<400> 20 gtggcaggca	64 a c		11
	<211> 1:	65 1 NA omo Sapiens		
	<400> 2 gcggctttc	65 c g		11
	<211> 1 <212> D	66 1 NA omo Sapiens	34/407	
			. 4/1/701//	

<211>

<212>

11

DNA

WO 2004/059001

PCT/EP2003/014068

<400> 266 11 gtggtatgtg c <210> 267 11 <211> <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 267 atcataccac t 11 <210> 268 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 268 gtactgtagc a 11. <210> 269 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 269 ctgtctgtgg c 11 <210> 270 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 270 cctgtggttc c 11 <210> 271 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 271 11 gccagcccag c <210> 272 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 272 11 gtgatggatg g <210> 273 <211> 11 DNA <212> <213> Homo Sapiens <400> 273 ggccccattg c 11 <210> 274

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo	Sapiens	:
<400> 274 atcttggctc a	1	11
<210> 275 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	Microsoft
<400> 275 gcaccgtaag a	1	11
<210> 276 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 276 tggcctcccc c		11
<210> 277 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 277 accaaggaca g		11
<210> 278 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 278 gtggtgcgca o		. 11
<210> 279 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 279 gtgctcaaac	3	11
<210> 280 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 280 gtggcacgcg		11
<212> DNA	o Sapiens	
<400> 281 gtggctcacg	2	11
<210> 282 <211> 11		

WO 2004/ 0	059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 282 tgagtctggc t	:	11
<210> 283 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 283 gtgaaacgct g	I	11
<210> 284 <211> 11 <212> DNA		
	o Sapiens	
<400> 284 ccactgcact a		11
<210> 285 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 285 gtggtgcacg c		11
<210> 286 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 286 acgcagggag a		11
<210> 287 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 287 ccagagaact t		11
<210> 288 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 288 aaataaaagc t		11
<210> 289 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 289 attgcaccac t		. 11
<210> 290		

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 290 tcagacgcag c		11
<210> 291 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 291 cctgtgatcc c		11
<210> 292 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 292 tgcctgtaat c		11
<210> 293 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	•	
<400> 293 ggcgacagag c		11
<210> 294 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 294 ccaccgcact c		11
<210> 295 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 295 cctgtagttc c		11
<210> 296 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 296 gtgaagccct g		11
<210> 297 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		- · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<400> 297 gtaaaacccc g		11

	WO 200-	4/059001	ı	PC1/EP2003/014068
	<210> 298	}		
	<211> 11			
	<212> DNA			
	<213> Hom	no Sapiens		
	<400> 298			
	cctgtaaccc	C		11
	<210> 299)		
	<211> 11			
	<212> DNA			
	<213> Hom	no Sapiens	•	
	<400> 299			
	ccccgccaag	t		11
	<210> 300)		•
	<211> 11			
	<212> DNA			
	<213> Hon	mo Sapiens		
	<400> 300	o	·	
	ccattgcact	a		11
	<210> 301	1		
	<211> 11			
,	<212> DNA			
	<213> Hor	mo Sapiens		
	<400> 303	1		,
	taggttgtct	a		11
	<210> 302	2		
	<211> 11			'
	<212> DN2			
	<213> Hor	mo Sapiens		
	<400> 302		•	
	tttggaatgt	t`	•	11
	<210> 303	3		
	<211> 11			
	<212> DNZ			
	<213> Hor	mo Sapiens		
	<400> 30			
	ttggagatct	С		11
	<210> 30			
	<211> 11			
	<212> DN			
	<213> Ho	mo Sapiens		
	<400> 30			
	gaagttatga	. a -		11
	<210> 30			
	<211> 11			
	<212> DN			
	<213> Ho	mo Sapiens		
	<400> 30			
	agtctgatgt	t		11
			30/407	

WO	2004/059001		PCT/EP2003/014068		
<210> <211> <212> <213>	306 11 DNA Homo Sapiens				
<400>	306	• - /	11		
gcgacag	ete e		11		
<210> <211> <212> <213>	307 11 DNA Homo Sapiens		•		
<400>	307				
agaacct	tcc a		11		
<210> <211> <212> <213>	308 11 DNA Homo Sapiens				
<400>	308				
ttcacag	att t		11		
<210> <211> <212> <213>	309 11 DNA Homo Sapiens				
<400>	309				
cggttac			11		
<210> <211>	310 11				

<210> <211> <212> <213>	309 11 DNA Homo	Sapiens	,		
<400> cggttact	309 tgt g				11
<210> <211> <212> <213>	310 11 DNA Homo	Sapiens	·		
<400> ccacaggo	310 gga t				11
<210> <211> <212> <213>	311 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> ggaataaa	311 att a				11
<210> <211> <212> <213>	312 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> gtaagat	312 tag c		 		11
<210> <211> <212> <213>	313 11 DNA Homo	Sapiens			

313

<400>

WU.	2004/059001				PC 1/EP200	3/014000	
aagaatct	ga a					11	
<210>	314						
	11						
	DNA						
	Homo Sapiens						
		•					
	314						
taaaaaaa	iaa a					11	
<210>	315						
	11						
	DNA						
	Homo Sapiens						
	315						
gaaatgat	:ga g			•	*	11	
<210>	316						
	11	is a second of the second of t		•			
	DNA						
<213>	Homo Sapiens						
	316						
atgtgaag	gag t		•			11	
<210>	317						
	11 .		4				
	DNA						
<213>	Homo Sapiens						
<400>	317						
ccactcct					•	11	
			•			7.7	
<210>	318						
	11						
	DNA					•	
<213>	Homo Sapiens						
<400>	318						
agggagca	ıga g					·11	
.04.0							
<210> <211>	319 11						
	DNA						
	Homo Sapiens						
	319						
aaaaaacc	ca a					11	
<210>	320						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo Sapiens						
<400>	320						
gtgaaggo						11	
2-2-023						T T	
<210>	321						
<211>	11						
	DNA						
<213>	Homo Sapiens						

wo	2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> cttcctt	321	
OCCCCC!		11
<210>	322	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	322	
gaaatca		
guadeoc		11
<210>	323	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
	•	
<400>	323	
gagggag	gttt c	11
<210>	324	
<211>	11	
<212>	DNA	4
<213>	Homo Sapiens	
<400>	324	
ggccacg		
ggccacg	include C	11
<210>	325	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	325	
gcttgga	tct c	11
<210×	20.0	
<210> <211>	326 11	
<211>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
(215)	nomo saptens	
<400>	326	
tgcactt	caa g	11
		т.т
<210>	327	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	327	
ccctacc		* *
		11
<210>	328	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	e de la companie de l
<100×	220	
<400> tgtgatca	328	
ryryate	aya C	11
<210>	329	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	

<400> 329	
<400> 329 ataattcttt g 11	
<210> 330	
<211> 11 <212> DNA	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
Value of the state	
<400> 330	ē.
tgtaatcaat a 11	
<210> 331	ŧ
<211> 11	
<212> DNA	*
<213> Homo Sapiens	
<400> 331	•
gaaaaaaaa a 11	
<210> 332	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 332	
gcctgctggg c 11	
<210> 333	
<211>. 11	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
(213) Homo Sapiens	
<400> 333	
tgttctggag a 11	
<210> 334	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	*
<400> 334	
ggctgagaat g	
<210> 335	
<210> 335 <211> 11	
<210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335	
<210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t	
<210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t 11 <210> 336	
<210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t 11 <210> 336 <211> 11	
<pre><210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t 11 <210> 336 <211> 11 <212> DNA</pre>	
<pre><210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t 11 <210> 336 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens</pre>	
<pre><210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t 11 <210> 336 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 336</pre>	
<pre><210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t 11 <210> 336 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens</pre>	
<pre><210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t</pre>	
<pre><210> 335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 335 ggtgagacac t</pre>	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo	Sapiens	
<400> 337 gaaaaatggt t		11
<210> 338 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 338 ggaatgtacg t		11
<210> 339 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 339 gaattatact t		11
<210> 340 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 340 caatgtgtta t		11
<210> 341 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 341 actaccataa c	•	11
<210> 342 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 342 gactctggtg c		11
<210> 343 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 343 gcatttaaat a		11
<210> 344 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 344 gttcacatta g		11
<210> 345 <211> 11	44/407	

WO 2004	1/059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNF <213> Hon	A no Sapiens	
<400> 345 ctgacctgtg		11
<210> 346 <211> 11 <212> DNA <213> Hon		
<400> 346 gatctcttgg		° 11
<210> 347 <211> 11 <212> DNA <213> Hon		
<400> 347 ggtccagtgt		11
<210> 348 <211> 11 <212> DNA <213> Hon		
<400> 348 gcataatagg		11
<210> 349 <211> 11 <212> DNF <213> Hom	•	•
<400> 349 tggggagagg		. 11
<210> 350 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 350 taataaaggt		11
<210> 351 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	·	
<400> 351 agtctgctgg		11
<210> 352 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 352 tcagatcttt		11
<210> 353		

W O 2004/03/001	1 C 1/E1 2005/014000
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 353 agaattgctt g	. 11
<210> 354 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 354 gtaaaacccc a	11
<210> 355 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 355 catcttcacc a	11
<210> 356 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 356 cctcggaaaa t	11
<210> 357 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 357 cacgcaatgc t	11
<210> 358 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 358 gtgaaactcc g	. 11
<210> 359 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 359 gtgaaacctc g	
<210> 360 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 360 gtggcacacg c	11

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<210> 361 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 361 ccttcgagat c		11
<210> 362 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 362 atggcaacag a		11
<210> 363 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 363 atcgcaccac t		11
<210> 364 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 364 tgcagcacga g		11
<210> 365 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 365 gcgaaacccc a		11
<210> 366 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 366 atgaaacccc g		11
<210> 367 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 367		
<210> 368 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 368 agccaccacg c		11

PCT/EP2003/014068

<210> 369 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 369 agccaccaca c 11 <210> 370 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 370 ggaggggct t 11 <210> 371 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 371 gtggcacgca c 11 <210> 372 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 372 ctactgcact c 11 <210> 373 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 373 gtgaaactcc a 11 374 <210> <211> <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 374 gtgaaacccc c 11 <210> 375 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 37.5 ccgctgcact c 11 <210> 376 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 376

VV C 2004	7037001		1 € 1/121 2003/014000
tttgggccta a	ı		11
<210> 377			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens	,· .	•
<400> 377	•		
gtgaaaccct a	ı		11
<210> 378			
<211> 11			
<212> DNA	Contono		
<213> Homo	Sapiens		
<400> 378			
tctgtaatcc c	2		11
<210> 379			
<210> 379			
<212> DNA			
	o Sapiens		
<400> 379			
ggtgagacct g	a		. 11
, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	9		
<210> 380		•	
<211> 11			
<212> DNA <213> Home	o Sapiens		•
. (215) 1101110	o papiens		
<400> 380 cccaagctag	С		11
<210> 381			
<211> 11		•	
<212> DNA			
<213> Homo	o Sapiens		
<400> 381		•	
cccggctaat			11
<210> 382			
<211> 11 <212> DNA			
	o Sapiens		
<400> 382			11
atgaaacccc	a	•	11
<210> 383			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Hom	o Sapiens	• · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
<400> 383	n		• • •
tcctgcccca			11
<210> 384			
<211> 11			
<212> DNA <213> Hom	no Sapiens		
\2 ± 0 > 110111	.c papiono		•

VV C 2004	7037001			1 (1/1/2)	005/014000
<400> 20	4				
<400> 38 ccagcctggg					11
<210> 38	5				
<211> 11					
<212> DN					
	mo Sapiens				,
<400> 389	5				
gcctcctccc	a			•	11
<210> 38	6				
<211> 11					
<212> DN2	A				
<213> Hor	mo Sapiens				
<400> 38	6				
taaactgttt	С	•			11
<210> 38	7				
<211> 11					
<212> DN2	A.				
	mo Sapiens				
<400> 38	7				
ttcaataaaa					11
<210> 388	3	•			
<211> 11					
<212> DN2	\mathcal{A}				
	mo Sapiens		-	-	
<400> 388	3				
attattttc			•		11
<210> 389)	•			
<211> 11					
<212> DNA	Į.				
<213> Hor	mo Sapiens				
<400> 389	€				
gggctggggt	C			• •	11
<210> 390)				
<211> 11					
<212> DNA					
<213> Hon	no Sapiens				
<400> 390					
caggtttcat	a				11
<210> 391	L				
<211> 11					-
<212> DNA	7				
	no Sapiens	· · · · · · · ·			
<400> 391	<u>-</u>				
ttggcagccc					11
<210> 392	2				
<211> 11					
<212> DNA					
<213> Hom	no Sapiens				

<400> ttaaccc	392 ctc c					11	
<210> <211> <212> <213>	393 11 DNA Homo	Sapiens		s.			
<400> ctcatag	393 cag t					11	
<210> <211> <212> <213>	394 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> cacttgc	394 cct a		·	•		11	
<210> <211> <212>	395 11 DNA						
<213> <400> gccccca	395	Sapiens			·	, ,	
<210> <211> <212> <213>	396 11 DNA	Sapiens				11	
<400> gccttcca	396	Saptens				11	
<210> <211> <212> <213>	397 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> cctagete	397	Japions	,			11	
<210> <211> <212> <213>	398 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> ggaccact	398 :ga a	,				11	
<210> <211> <212> <213>	399 11 DNA Homo	Sapiens	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		 · · · .		
<400> agcaccto	399 ca g					11	
<210> <211> <212>	400 11 DNA			51/407			

W	O 2004/0	059001	PCT/	EP2003/014068
<213>	Homo	Sapiens	3	
<400>	400		•	
cagcta		a		11
<210>	401			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens	3	
<400>	401			
catatca	atta a	ı		11
<210>	402			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>		Sapiens		
<400>	400			
aggaaag	402 acta c	<u>.</u>		
	_			11
<210>	403			
<211>	11			
<212>	DNA		•	
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	403			
gagataa				11
<210>	404			- -
<211>	11	•		
<212>	DNA			,
<213>		Sapiens		
<400>	404			
agaaaga	itgt c			11
<210>	405			
<211>	11	•		
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	405			,
aatcttg	ttt c			11 .
<210>	406			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	406			
gagaget	aac t			11
<210>	407			
<211>				
<212>	DNA	-		
<213>		Sapiens		
<400>	407			
gggcatc	407			
				11
<210>	408			
<211>	11			

wo	2004/059001	PCT/EP2003/014068
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400> ctgttgg	408 :ga t	11
<210> <211> <212> <213>	409 11 DNA Homo Sapiens	
<400> ggaaatg	409	11
<210> <211> <212> <213>	410 11 DNA Homo Sapiens	
<400> cgacccc	410 acg c	11
<210> <211> <212> <213>	411 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gtgcacto	411 gag c	11 .
<210> <211> <212> <213>	412 11 DNA Homo Sapiens	
<400> acatcato	412 ega t	11
<210> <211> <212> <213>	413 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gttgtgg	413 ta a	11
<210> <211> <212> <213>	414 11 DNA Homo Sapiens	
<400> tcacaago	414 aa a	11
<210> <211> <212> <213>	415 11 DNA Homo Sapiens	
<400> agggctto	415 ca a	11
<210>	416	•

**	0 2004/03/001	1 C 1/E1	2003/014000
<211> <212> <213>	11 DNA Homo Sapien	s	
<400> ccctgg	416 gttc _. t		11 .
<210> <211> <212> <213>	417 11 DNA Homo Sapien	s	
<400> agcagat	417 tcag g		11
<210> <211> <212> <213>	418 11 DNA Homo Sapien	s	
<400> aaggtgg	418 gagg a		11
<210> <211> <212> <213>	419 11 DNA Homo Sapiens	s	
<400> accaaaa	419 aacc a		11
<210> <211> <212> <213>	420 11 DNA Homo Sapiens	S	
<400> ctagcct	420 ccac g		11
<210> <211> <212> <213>	421 11 DNA Homo Sapiens	5	
<400> agaatca	421 actt g		11
<210> <211> <212> <213>	422 11 DNA Homo Sapiens		
<400> gttccct	422 ggc_c		114
<210> <211> <212> <213>	423 11 DNA Homo Sapiens	3	
<400> cccgtcc	423 gga a		11

WO 2004/0		59001			PC1/EP2003/014008		
	<211> <212>	424 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> taataaat	424 gc t					11
		425 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> cactgcat	425 at g	,				11
	<210> <211> <212> <213>	426 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> gggagtaa	426 ata g					11
	<210> <211> <212> <213>	427 11 DNA Homo	Sapiens	· .			
	<400> taactctc	427 ect g					11
	<210> <211> <212> <213>	428 11 DNA Homo	Sapiens		·		
	<400> ccggaaac	428 cac t					11 .
	<210> <211> <212> <213>	429 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> gcgagtct	429 cc g		•	•		11
	<210> <211> <212> <213>	430 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> tcaaaaaa	430 aag a					11 .
	<210> <211> <212> <213>	431 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> tggagaaa	431 aga a			55/407		11
					SE / 407		

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> 43 <211> 11 <212> DN <213> Ho	L		
<400> 43 ctgtatttga			11
<210> 43 <211> 11 <212> DN <213> Ho	L		
<400> 43	33		11
<210> 43 <211> 11 <212> DM <213> Ho	L		
<400> 43	34		11
<210> 43 <211> 11 <212> DN <213> Ho	L		
	35		11
<211> 11 <212> DM	36 L NA omo Sapiens		
	36		11
<211> 1: <212> DI	37 1 NA omo Sapiens		
	37		11
<211> 1: <212> Di	38 1 NA omo Sapiens		
<400> 43	38		11
<211> 13 <212> Di	39 1 NA omo Sapiens		
	39	56/407	

WO 2004/059001	PCT/EP200	03/014068
tttgttgctt t		11
<210> 440 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 440 gaaaattaac c		11
<210> 441 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 441 gggaggatta a		11
<210> 442 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 442 aggaactgta g		11,
<210> 443 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 443 tcatagttca g		11
<210> 444 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 444 cggcctcacc t		11
<210> 445 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 445 caaaggaagc t		
<210> 446 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 446 tgtaaagatt t		11
<210> 447 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		

W O 2004/	037001			1 C 1/E1 2005/014000
<400> 447 ctacaataaa t				11
<210> 448 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 448 tgtttaatac a				11
<210> 449 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 449 attgctgtaa t				11
<210> 450 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•		
<400> 450 gattagaggt t		!		11
<210> 451 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 451 tgtatggetg g	· ·			11
<210> 452 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 452 ttaaaacaaa a		•		. 11
<210> 453 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 453 cacatcctta c				11
<210> 454 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 454 acgcgccagg c				11
<210> 455 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<400 gaga	> 455 ctgcaa t				11
<210 <211 <212 <213	> 11 > DNA	Sapiens			•
<400 tatg	> 456 rtatttc_t				11
<210 <211 <212 <213	> 11 ?> DNA	Sapiens			·
<400 attt)> 457 :gaataa a				11
<210 <211 <212	L> 11 2> DNA				
<213 <400 ttga		Sapiens			. 11
<210 <211 <212 <213	0> 459 1> 11 2> DNA	Sapiens			
<400 tgg	0> 459 tgttttg g				11
<210 <211 <211 <211	1> 11 2> DNA	Sapiens			
<40 cgc	0> 460 acaatca t				11
<21 <21 <21 <21	1> 11 2> DNA	Sapiens			
<40 ctg	0> 461 tcaccct g				11
<21 <21 <21 <21	1> 11 2> DNA	Sapiens			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<40 ttt	0> 462 gaggtgg t				11
<21 <21 <21	.1> 11				

W	<i>J 2</i> 004/0	199001					PC 1/EF	2003/014008
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	463							
tgaatat								11
<210>	464							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens			•			
<400>	464							
tcattct	act g		•					11
<210>	465							
<211>	11							*
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						•
<400>								
acaaatg	aaa a					-		11
<210>	466							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	466							
atggcct	gta a							11
<210>	467							
<211>	11						4	
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						•
<400>	467							
ggggcgg	ggt g							11
<210>	468					•		
<211>	11	*						
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens					*	
<400>	468							
atgactgt								11
<210>	469							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
<400>	469							
ctgggcaa	ac a							11
<210>	470							
<211>	11	**	 = .					
<212>	DNA							
<213>	Homo :	Sapiens						
<400>	470			,				
taaatgaa								11
<210>	471							
<211>	11							

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 471 agcgctgatg a		11
<210> 472 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 472 gtgtgatgct g		11
<210> 473 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 473 gatctgtttc t	•	11
<210> 474 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 474 tagagaatga a		11
<210> 475 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 475 tcaatattct t		. 11
<210> 476 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 476 cagctcttag g		11
<210> 477 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 477 tagtaaaggc a		11
<210> 478 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 478 tacttgtgtt t		11
<210> 479	61/407	

WO 2004	/059001		PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens		
<400> 479 aaggtaatat	g		11
<210> 480 <211> 11 <212> DNA			
	o Sapiens	•	
ctcagcctga a	a		11
<210> 481 <211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens		
<400> 481	_		. 11
<210> 482 <211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
cactactetg c			11
<211> 11 <212> DNA	o Sapiens		,
<400> 483 caagtgtgga g			,
<210> 484 <211> 11	' .		11
<212> DNA	Sapiens		
<400> 484 caaatcaagt g	ſ		11
<210> 485 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 485 ctatttaggg a		 	
<210> 486 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•	
<400> 486 tactgcaaaa a			11

WO 2	2004/059001	P	CT/EP2003/014068
<211> 13 <212> DI	87 1 NA omo Sapien		
	87		11
<211> 1 <212> D	88 1 NA omo Sapien	· · ·	
•	88		11
<210> 4 <211> 1 <212> D	89	s	
<400> 4 ggaagatgt	89 t c		11
<211> 1 <212> D	90 1 NA omo Sapier	s	
<400> 4	90 a g		11
<211> 1 <212> D	.91 .1 DNA Lomo Sapier	.s	
gagaaatat			11
<211> 1 <212> I	192 .1 DNA Homo Sapier	as	
<400> 4	192 ac a		11
<211> 1 <212> I	193 L1 DNA Homo Sapier	ns	
<400> 4	193 ig t		11
<211> <212> I	194 11 DNA Homo Sapie	ns	
<400> taggagati	194 tt t	20/40 =	11
		63/407	

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	495 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> tgtagct	495 gca a	e.				11
<210> <211> <212>	496 11 DNA					
<213> <400>	496	Sapiens				
cttacgt	gat t					11
<210> <211> <212> <213>	497 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> actgaaa	497 tac t					11
<21.0>	400					11
<210> <211>	498 11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400> ataataa	498 agc t					11
<210>	499					
<211> <212>	11 DNA					
<213>		Sapiens				
<400>	499					
taaaatt					•	11
<210>	500					,
<211>	11					•
<212>	DNA	6 1				
<213>	ното	Sapiens				
<400> gtaaaac	500 aat a					11
<210>	501					
<211>	11					
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens				
					,	
<400> tactttt			• • •			
						11
<210>	502					
<211> <212>	11 DNA					
<213>		Sapiens				
<400>	502			64/407		

WU	2004/0	59001	rc	1/EP2003/014008	
ggatttg	gcc c			11	
2010 5	.				
<210> <211>	503		,		
<211>	11 DNA				
<213>		Contona			
\213/	пощо	Sapiens			
<400>	503				
aataggg				11	
	j			T-T	
<210>	504		•	•	
<211>	11			F	
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens			
<400>	504				
actgatt	gat t	_		11	
<210>	505				
<211>	11				
<212>	DNA				
<213>		Sapiens			
12107	1101110	Daprens			
<400>	505				
gaaacta				. 11	
<210>	506				
<211>	11				
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens			
<400>	506				
tttaatt		•		4 4	
cccaacc	cga a			11	
<210>	507				
<211>	11				
<212>	DNA			•	
<213>		Sapiens			
<400>	507				
taggctg	ccg g			11	
<210>	508				
<211>	11				
<211>	DNA				
<213>		Sapiens			
12107	1101110	Daptens			
<400>	508				
gataacta				11	- ,
-				11	
<210>	509				
<211>	11				
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens		,	
4400				-	
<400>	509				
tagggata	atc a			11	
<210>	510				
<211>	11				
<211>	DNA				
<213>		Sapiens			
	1101110	2012 20110			

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 510 agcccttcct c		. 11
<210> 511 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 511 gaatggtcat c		11
<210> ·512 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 512 atctgtgaaa t		11
<210> 513 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 513 tctttcttga a		_ 11
<210> 514 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 514 caggggttgg g		11
<210> 515 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 515 tgggtgaaaa a		11
<210> 516 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 516 tggtttgctg t		11
<210> 517 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 517 tttgttgtgc t	. •	. 11
<210> 518 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens 660	405

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> 518 taaatgtgca a	11
<210> 519 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 519 cctactaaat g	11
<210> 520 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 520 taaagctgtc a	11
<210> 521 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 521 tggcctaata a	11
<210> 522 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 522 tgaacttgtt g	11
<210> 523 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 523 ttgaccagag g	11
<210> 524 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 524 ttgatttctt a	11
<210> 525 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 525 ttgaaagctc c	11
<210> 526 <211> 11 <212> DNA	

W O 2004	7037001	1 C 1/E1 200	J/01 T 000
<213> Homo	Sapiens		
<400> 526			
tatatttaca c	2		11
<210> 527			
<211> 11		•	
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 527			
gaaactatta t	;		11
<210> 528			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 528			
gctgttagat g			11
<210> 529			
<211> 11			
<212> DNA			
	Sapiens		
<400> 529			
gtgctacaga c			11
<210> 530			
<211> 11			
<212> DNA		·	
<213> Homo	Sapiens		
<400> 530			
taacttctct c	;		11
<210> 531			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400³> 531	4		
aagtctttc t		:	11
<210> 532			
<211> 332			
<211> DNA			
	Sapiens		
<400> 532			
catacagaag a	ı	1	L1
<210> 533			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 533			
caattgaatt g	Ī	1	L1
<210> 534			
<211> 11			

W O 2004/059001		59001			PCI	/EP2003/01400	
	<212>	DNA					
	<213>		Sapiens				
		11 010	Jupione				
	<400>	534					
	ctgcatc	tta a					11
	2010s	E 0 E					
	<210> <211>	535 11					
	<212>	DNA					
	<213>		Sapiens				
	<400>	535					
	tccttag	gaac a					11
	Z2105	526					
	<210> <211>	536 11				a a	
	<211>	DNA					
	<213>		Sapiens				
	72107	1101110	papiens				
	<400>	536					
	cagaaca	act a	•				11
	.04.0						
	<210>	537					
	<211>	11					
	<212>	DNA	Coniona				
	<213>	ношо	Sapiens			-	
	<400>	537					
	taatcct						11
	<210>	538					
	<211>	11					
	<212>	DNA	Caniana				
٠	<213>	ношо	Sapiens				
	<400>	538				÷	
	tacttgt						11
	<210>	539					
	<211>	11					
	<212>	DNA	G				
	<213>	HOMO	Sapiens				
	<400>	539					
	ttaagag						11
	, ,	,,,					T. T.
	<210>	540					
	<211>	11					
	<212>	DNA					
	<213>	Homo	Sapiens				
	<40.0>	540					
	gttaact						11
							11
	<210>	541					
	<211>	11					
	<212>	DNA	_				
	<213>	Homo	Sapiens				
	<400>	541					
	ccacttt.						1 1
	,	14					11
	<210>	542					
				60/40	-		

WO 2004/	059001	PCT/EP2	2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens		
<400> 542 tacagttccc t	. ·		11
<210> 543 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens		
<400> 543 acattccaag t	=		11
<210> 544 <211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens		
<400> 544 gcggcagtta c	2		11
<210> 545 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens		
<400> 545 aatttacttc c	2		11
<210> 546 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 546			11
<210> 547 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 547			11
<210> 548 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 548 accattctgc t			. 11
<210> 549 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 549 cgcaagctgg t			11

WC	2004/0	059001				PCT/EP20	003/014068	
Z010S	E E O							
<210>	550							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	550							
ctcatca		r					11	
	, ,						ТT	
<210>	551							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	551							
ccgccga							11	
							11	
<210>	552							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	552							
cctcccc							11	
	-9						TT	
<210>	553							
<211>	11							
<212>	DNA			*				
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	553		ř					
gtgagcc							11	
gogugoo	out t				*		11	
<210>	554							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
.100.	554							
<400>	554							
ggccagc	CCL L						11	
<210>	555							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	555							
aggagct	gct g						11	
<210>	556							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
		-up10110						
<400>	556							
ctcaaca	gca a						11	
<210>	557		•					
<210>	55 / 11							
<211>	DNA							
<213>		Sapiens						
		_ SF-0110						
<400>	557							
aagaaga	ctt c						11	
				71/407				

PCT/EP2003/014068

<210> 558 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 558 ctgagtctcc c 11 <210> 559 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 559 gatagcacag t 11 <210> 560 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 560 aatgctttgt t 11 <210> 561 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 561 cctcgctcag t 11 <210> 562 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 562 gggatcaagg a 11 <210> 563 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 563 actgaggtgc c 11 <210> 564 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 564 atactttaat c 11 <210> 565 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 565

				101,212	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	
gtgaaaaaaa a					11	
<210> 566						
<211> 11						
<212> DNA						•
<213> Homo	Sapiens					
<400> 566						
tggaggccag g					11	
-010\ F.GT						
<210> 567 <211> 11						
<212> DNA						
	Sapiens					
<400> 567		•				
gtcttaactc a					11	
J ************************************					11	
<210> 568						
<211> 11		-				
<212> DNA <213> Homo	0	•				
(213) Home	Sapiens					
<400> 568						
taagatttca a					11	
<210> 569						
<211> 11						
<212> DNA		•				
<213> Homo	Sapiens		•			
<400> 569						
tacattttca t					11	
<210> 570		•				
<211> 370		•				
<212> DNA						
<213> Homo	Sapiens					
<400> 570						
tttctgtatg t					11	
					11	
<210> 571						
<211> 11 <212> DNA						
	Sapiens					
	Supiono					
<400> 571	•					
actggagttt g					11	
<210> 572						
<211> 11		,	,			
<212> DNA			4			
	Sapiens					
<400> 572					•	
gtggcagcgc t					11	
<210> 573						
<211> 373						
<212> DNA						
<213> Homo	Sapiens					

WU 2004/	059001	PC1/EP2003/014068
<400> 573 aataaaggtg		11
<210> 574 <211> 11 <212> DNA	o Sapiens	
<400> 574 tgttaatgtt a	a	11
<210> 575 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 575 agggttggaa g	j	11
<210> 576 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 576 gactctggga t	· =	. 11
<210> 577 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 577 cacacccctg a	1	11
<210> 578 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 578 tgaccccaca ç	ı	11
<210> 579 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 579 ttaaaagcct t		11
<210> 580 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	′ . <u>.</u>
<400> 580 tacattgctt t		11
<210> 581 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

<400> gtttca	581 ggta a							11
<210> <211> <212> <213>	582 11 DNA Homo	Sapiens			-			
<400>	582							11
					4	•		11
<210> <211> <212>	583 11 DNA							
<213>	Homo S	Sapiens				,		
<400> aaatac	583 ttca t						•	11
<210> <211>	584 11							
<212> <213>	DNA Homo S	Sapiens						
<400> taaata	584 aata c							11
<210> <211>	585 11						9	ř
<212> <213>	DNA Homo S	Sapiens	,					
<400> tgccca	585 ctca t							11
<210> <211>	586 11							
<212> <213>	DNA Homo S	Sapiens						
<400> gtgatg	586 gggc c		,		*			11
<210> <211>	587 11							
<212> <213>	DNA Homo S	apiens						
<400> ttctatt	587 tca g							11
<210> <211>	588 11							
<212> <212> <213>	DNA Homo S	apiens				v •		
<400> gaagatt	588 aat g							11
<210> <211>	589							
<211> <212>	11 DNA			 /				

wo	2004/059001	PCT/EP2003/01	4068
<213>	Homo Sapiens		
<400>	589		
tgaagaga		11	
<210>	590		
<211>	11		
	DNA		
	Homo Sapiens		
<400>	590		•
aagattgg	igg c	11	
<210>	591		
<211>	11		
	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	591		
cagcatct		. 11	
<210>	592		
<211>	11		
	DNA		
	Homo Sapiens		
<400×	E00		
<400> ggaagtto	592		
·	aa a	11	
	593		
	11		
	DNA		
72107	Homo Sapiens		
	593		
tgggcgcc	ett t	. 11	
<210>	594	•	
	11		
	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	594		
gcaggaat		. 11	
		11	
	595		
	11		
	DNA Homo Sapiens		
12207	nome papiens	•	
	595		
tagtattt	tc a	11	
<210>	596		
	11		
	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	596		
tcgtaacg		11	
		11	
	597 11		
/CTT/	T T		

WO 2004/0	059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 597 cctcctctga c		11
<210> 598 <211> 11 <212> DNA		
<400> 598	o Sapiens	
caagttagtg g	ī	11
<210> 599 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 599 catcattcct t	·	11
<210> 600 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> .600 aatatgcttt a		11,
<210> 601 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 601 tgaagtcact g		11 ,
<210> 602 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 602 aaaaaactcc a		11
<210> 603 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 603 ccaatttatc g	•	11
<210> 604 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 604 tataccaatc a		11
<210> 605		

W O 2004/0	59001	PC 1/EP2003/014008
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 605 tggacccaac t		11 .
<210> 606 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 606 aagagttacg t		11
<210> 607 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 607 tggtttgagc a		11
<210> 608 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,
<400> 608 cagaaatgaa t		11
	Sapiens	
<400> 609 taactgtctt a		11
	Sapiens	
<400> 610 cattccagag g		11
<210> 611 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 611 ggccgctgct c		11
<210> 612 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 612 taggttcgtg t		11

WO 2004/0590	01	PCT/EP2003/014068
<210> 613 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 613 taggtagete a		11
<210> 614 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 614 aaggagctgg c		11
<210> 615 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 615 atcgttgtaa t		11
<210> 616 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 616 tcctgcagct g		11
<210> 617 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 617 taaagtgtct g		11
<210> 618 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 618 cctggagcaa t		11
<210> 619 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 619 ggccgggggc a		 11
<210> 620 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	2-
<400> 620 ctttgctgtg t	79/407	11

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	621 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> taagcaga	621 atg t		•					11
<210> <211> <212> <213>	622 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> atgtggca	622 aca t							11
<210> <211> <212> <213>	623 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> ggagggct	623 tgg g							11
<210> <211> <212> <213>	624 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> agaccata	624 att a				*	•		11
<210> <211> <212> <213>	625 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> gtaatgaa	625 agc a				•			11
<210> <211> <212> <213>	626 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> agtttaag	626 gca t							11
<210> <211> <212> <213>	627 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> ccgttctc	627 gga t						ii ii ii	11
<210> <211> <212> <213>	628 11 DNA Homo	Sapiens						
<400>	628			80/407				

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
ttaatatatg c	11
<210> 629 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 629 acaaattatg a	11
<210> 630 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 630 gagctgttgg t	11
<210> 631 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 631 ttgtgagaat a	11 .
<210> 632 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 632 taaaatttgt a	11
<210> 633 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 633 gcaaggttgc a	. 11
<210> 634 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 634 gcccctgcct t	11
<210> 635 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 635 aggacttctg a	11
<210> 636 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> 636 ttgagtagga a	11
<210> 637 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 637 gattcaacca a	11
<210> 638 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 638 tgaaatgaag g	11
<210> 639 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 639 caccggacac t	
<210> 640 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 640 tggcttaaat g	. 11
<210> 641 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 641 ccaagggccc t	. 11
<210> 642 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 642 tacaggaagt t	11
<210> 643 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 643 gctccgagcg t	11
<210> 644 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> 644	
gggctggggt a	11
<210> 645	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 645	
tggcttgctc a	11
<210> 646	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 646	
aacacaggag g	
<210> 647	. 11
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 647	
aatcattgag g	11
<210> 648	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 648	
accttcaaaa a	
<210> 649	11
<211> 649 <211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 649	
gtggtgagca c	. 11
<210> 650	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 650	
gccttggccc t	1.1
<210> 651	11
<211> 11	
<212> DNA	•
<213> Homo Sapiens	
<400> 651 gagtagctga g	
	11
<210> 652	
<211> 11	
<212> DNA	

***	<i>J</i> 200 4 /0	37001	1 C 1/E1 200	J/01 T 000
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	652			
cccggc				11
<210>	653			
<211>	11	*		
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	653	1		
tgcctgt	agt t			11
<210>	654			
<211>	11			
<212>	DNA	~ ·		
<213>	ното	Sapiens		
<400> ctgctgc	654			
cigalge	-cyy c	*		11 .
<210>	655			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	655			
gcgaaat	ccc a			11 -
<210>	656			
<211>	11	•		
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	656			
teetgae	cac c			11
<210>	657			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	657		• •	
agccgag				11
<210>	658			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>		Sapiens		
<400>	658			
ttccata				11
<210>	659			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>		Sapiens		
<400>	659			
ccgttgc				11
1010:			•	_
<210> <211>	660 1 1			
~C.1.1/			0.1110 -	

WO 2004/0590	001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo S	apiens	
<400> 660 gttccagcag c		11
<210> 661 <211> 11 <212> DNA		
	apiens	
<400> 661 gtgcggtacc t		11
<210> 662 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	ani ana	
<400> 662 attgtaccac t	артепъ	4.4
<210> 663 <211> 11 <212> DNA		11
<213> Homo S <400> 663	apiens	
<pre>cctgtaaacc c <210> 664 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S</pre>	apiens	11 .
<400> 664 tcatcatcag a		11
<210> 665 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 665 tgattgattt g		11
<210> 666 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 666 ccactgcaat c		11
<210> 667 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo Sa<400> 667	abreus	
gtggcacata c <210> 668		11

WO 2004 /0	059001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 668 ttagctgagt o	c .	11
<210> 669 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 669 gaccaccttt a	a	11
<210> 670 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 670 gctcagatcg c	9	11
<210> 671 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 671 cggaacaccg t	. ' -	11
<210> 672 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 672 geggetgaca g	o Sapiens	11
<210> 673 <211> 11 <212> DNA	Sapiens	11
<400> 673 cttcggatgt c		11
<210> 674 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 674 cggcagagct g	J .	11
<210> 675 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 675 gaccgcggct t	:	11

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<210> 676 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 676 atggtgggca		11
<210> 677 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 677 agcccaggag	J.	11
<210> 678 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 678 gtggtgtacg	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	11
<210> 679 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 679 aggaaggaac a	· •	11
<210> 680 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 680 ttggctaggc c	·	11
<210> 681 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 681 aggagtegae a		<u>11</u>
<210> 682 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 682 cagcettgeg g		11
<210> 683 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 683 cgcccctgc g	87/407	11

***	<i>J</i> 200 4 /0.	37001				101	/E1 2005/01400
<210>	684						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	684						
tggctc	ctcc c						11
<210>	685						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	685						
cggctg							11
-010 5							
<210>	686				,		•
<211> <212>	11						
<213>	DNA	Sapiens			4		•
12102	1101110	paprens				*	
<400>	686						
acaaagg	ggcc c						11
<210>	687						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	687						
agtggag							
5 - 5 5 5	,,,,,						11
<210>	688						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	688						
gccccac							11
<210>	600						4.4
<210>	689 11	•					
<212>	DNA			•			
<213>		Sapiens					
12207	1101110	paprens					
<400>	689						
tggcagt	ctg c						11
<210>	690						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
.2207		~~b±eli9					
<400>	690	*					
aacccgg	aag g						11
<210>	691						
<211>	11						
<211>	DNA						
<213>		Sapiens					
		- 25 - 0110					
<400>	691						

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014068
ggcagctggc a		11
<210> 692 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 692 gcccctgcgc a		11
<210> 693 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		•
<400> 693 atttcaagat g		11
<210> 694 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 694 cccttccccg g		. 11
<210> 695 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 695 gtcactgcct c		11
<210> 696 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 696 tatgtgattt g		11
<210> 697 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	•	
<400> 697 gcaacttgga g		11
<210> 698 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 698 cagcagtagc g		11
<210> 699 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		T.T.

WO	2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> gtggcaco	699 ctg c	11
<210> <211> <212> <213>	700 11 DNA Homo Sapiens	
<400> tctgtcct	700 tca g	11
<210> <211> <212> <213>	701 11 DNA Homo Sapiens	
<400> ctctgccc	701 etc c	11
<210> <211> <212> <213>	702 11 DNA Homo Sapiens	
<400> tggaagga	702 acc g	11
<211> <212>	703 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gacagtgt	703 egg g	11
<211> <212>	704 11 DNA	
<400>	Homo Sapiens 704	
<211>	705 11 DNA	· 11
<213>	Homo Sapiens 705	
cctgtaat		11
<211> <212>	TOO 11 DNA Homo Sapiens	
<400> acactgca	706 ct c	11
<211>	707 11 DNA	
	Homo Sapiens	

		23 002		101,212	000,01100
<400>	707				
gtgaaa		ſ			11
	_				т.т.
<210>	708				
<211>	11				
<212>	DNA		•		
<213>	Homo	Sapiens			
		_			
<400>	708				
ccagta	atcc c				11
<210>	709				
<211>	11		·		
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens			
44005	500				
<400>	709				
aacgcg	aaca c	!			11
2010 5	710		•		
<210> <211>	710 11		-		
<211>					
<213>	DNA	Conies			
\213 /	пошо	Sapiens			
<400>	710	,			
cccgta					
cccgca	1000				11
<210>	711	•			
<211>	11				
<212>	DNA		•		
<213>		Sapiens			
		<u> </u>			
<400>	711				
atggtg	cac t				11
					T-T-
<210>	712				
<211>	11	*			
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens			
<400>	712				
tcaacgo	jtgt g				11
2010 5	240				
<210>	713		•		
<211> <212>	11 DNA				
<213>	DNA	Open dans a			
\Z13/	пошо	Sapiens			
<400>	713				
gaccago					
gaccage	egg c				11
<210>	714				
<211>	11				
<212>	DNA		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		
<213>		Sapiens			
		-aprono			
<400>	714				
gtggatg					11
J JJ 7	,				11
<210>	715				
<211>	11				
<212>	DNA				

wo	2004/0	59001		PCT/EP2003/014068
<213>	Homo	Sapiens	•	
<400>	715			
tatatto				11
<210>	716			
<211>	11	,		
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens		٠
<400>	716			
ttaaata				11
<210>	717			
<211>	11			
<212>	DNA		•	
<213>		Sapiens		,
<400> gcacttg	717 scat c			11
<210>	718			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>		Sapiens	•	
<400>	718			•
aaataag		*		11
<210>	719			
<211> <212>	11 DNA			
<213>		Sapiens		
<400>	719			
țtttgaa				11
<210>	720		•	
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>		Sapiens		
<400> acaaaaa	720			
acaaaaa	aaa a			11
<210>	721			
<211>	11		•	•
<212>	DNA			
<213>		Sapiens		
<400> ttccacc	721 aac c			11
107.5				
<210>	722			
<211> <212>	11 DNA			
<213>		Sapiens		
<400>	722			
tctccaa	caa c			11
<210>	723			
<211>	11			

	WU	2004/0	29001					PC 1/EP2	JU 3 /U14U00
	<212>	DNA							
	<213>		Sapiens						
			Capicino						
	<400>	723							
	cactctg								11
	2	J							тт
	<210>	724							
	<211>	11							
	<212>	DNA							
	<213>	Homo	Sapiens						
	<400>	724							
	taagcag	cac g							11
	<210>	725							
	<211>	11							
	<212>	DNA	G = 1		1				
	<213>	ното	Sapiens						
	<400>	725					*		
	ggacagaa								
	gyacaya	acc c							11
	<210>	726							
	<211>	11							
	<212>	DNA							
	<213>		Sapiens						
			<u>-</u>						
	<400>	726							
	ggcattta	att g				-			11
,									
	<210>	727							
	<211>	11							
	<212>	DNA							
	<213>	Homo	Sapiens						
	<400>	707						•	
	gcctgata	727							
	gcccgaca	all a							11
	<210>	728							
	<211>	11							
	<212>	DNA							
	<213>	Homo	Sapiens						
			<u> </u>						
	<400>	728							
	gtgtgaaa	ata a							11
	<210>	729							
	<211>	11							
	<212>	DNA							
	<213>	Homo	Sapiens						
	-100-	700		•					
	<400>	729							
	aggctgtt	gg a							11
	<210× "	720							
-	<210> <211>	730 11		· ·					
		DNA							
			Sapiens						
	-210/	1101110	Paprenz						
	<400>	730							
	tttttgta								11
	3 5 0 0								11
	<210>	731							

W O 2004/059001		PC 1/EP2003/014008
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapi	ens ·	
<400> 731 caattaaagt t		11
<210> 732 <211> 11. <212> DNA <213> Homo Sapid	ens	
<400> 732 tgagcttgat a		11
<210> 733 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapid	ens	
<400> 733 cctcttgtaa t		11
<210> 734 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapio	ens	
<400> 734 aatatggatg a .		11
<210> 735 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapid	ens	
<400> 735 caggactaag a		11
<210> 736 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 736 accacagttt g		11
<pre><210> 737 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie</pre>	əns	
<400> 737 aaagagaaag a		
<210> 738 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 738 acttggggct g	•	11

	wo	2004/0	59001	PCT/EP	2003/014068
	<211> <212>	739 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> cagaactg	739 gtg a			11
	<211> <212>	740 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> tttttaga	740 at t			11
2	<211> <212>	741 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> taaacttt	741 gt a			11
	<211> <212>	742 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> tgtggcgt	742 at a			11
	<211> <212>	743 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> tgaaaagc	743 tt a			11
	<211> <212>	744 11 DNA Homo	Sapiens		
,	<400> gatgtagt	744 gg_g	_		11
	<211> <212>	745 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> actgcaga	745 ca a	- 		11
	<211> <212>	746 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> ctggtacc	746 tg t			11

WO 2004/ 0	59001	PCT/EP2003	/014068
<210> 747			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Coniana		
(213) HOMO	Sapiens		
<400> 747			
agacgctgtc a		:	11
<210> 748			
<211> 11			
<212> DNA	·		
<213> Homo	Sapiens		
<400> 748			
taacccactg g			11
.010. 540		•	
<210> 749 <211> 11	•	w	
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
		•	
<400> 749			
tttcattaat c		1	L1
<210> 750			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 750			
gaagtggcag t		. 1	L1
•			<u></u>
<210> 751	,		
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
1220	54P10110		
<400> 751			
tgatttttga g		1	.1
<210> 752			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 752			
taaataaagg a	_	1	1
		-	-
<210> 753			
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
	•		
<400> 753	•		
ctaactggtg t		1	1
<210> 754			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 754			
.100, /54			

WO 2004/0	59001	PC 1/EP2003/01400	O
gcttcatcag a		11	
<210> 755			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
.100: 555			
<400> 755			
agtettetga e		11	
<210> 756			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 756			
atgataaaac a		11	
,	4		
<210> .757			
<211> 11 <212> DNA	•		
	Sapiens		
<400> 757			
gcaacttttt g		11	
<210> 758			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 758			
ctgccctaga a		11	
<210> 759			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 759			
catccatctg t		1.1	
, and a date of the		11	
<210> 760			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
(ZIO) HOMO	papiens		
<400> 760			
tctgtgctcc c		11	
<210> 761			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		_
<400> 761			
aggtgtcttt g		1 1	•
55 - 5 - 5 - 5 - 5		11	
<210> 762			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
/ZIJ/ NOMO	pahrena		

WO 2	004/059001		PC	CT/EP2003/014068
<400> gcaggatc	762 gg g			11
<211> <212>	763 11 DNA Homo Sapiens			
<400> gatttcta	763 ct g			11
<211> :	764 11 DNA Homo Sapiens			
<400> tagaaaaaa	7 64 at g			11
<211> : <212> : 1	765 11 DNA Homo Sapiens			
<400> ctgtggaat	765 ta a			11
<211> 3	766 11 DNA Homo Sapiens			
	766		•	11
<211> 1 <212> I	767 11 DNA Homo Sapiens			
<400> 7	767 ca a .	*		11
<211> 1 <212> [768 11 DNA Homo Sapiens			
<400> 7	768 jt c			11
<211> 1 <212> D	769 1 DNA Homo Sapiens	• •		
<400> 7	769 Et t			11
<211> 1 <212> D	770 1 DNA Iomo Sapiens	09/407	·	

	0 1, 00 3 0 0 1		101,21200,011000	
<400> 7	70			
gaaggcttta			11	
gaaggeeee			т.т.	
<210> 7	71			
<211> 1:				
	- NA			
	omo Sapiens			
	<u>-</u>			
<400> 7	71			
tgctaactg	c a	•	11	
	72			
<211> 1:				
	NA			
<213> He	omo Sapiens			
		•		
	72			
aacgcaaaa	a a		11	
.010. 5				
	73			
<211> 1				
	NA omo Sapiens			
(212) H	omo saprens	•		
<400> 7	73			
taaaacaag			11	
- Cuada Caag	. .	•	11	
<210> 7	7 4			
<211> 1				
	NA			
	omo Sapiens			
	74			
tgtaaaatc	c t		. 11	
	75			
<211> 1				
	NA			
<213> H	omo Sapiens			
<400> 7	75			
cccttcaaa			11	
ccccaaa	u u		11	
<210> 7	76			
<211> 1				
<212> D	NA			
<213> H	omo Sapiens			
	76			
tgaataaaa	t g		11	
	77			
	1		· · · · · ·	
	NA		•	
<213> H	omo Sapiens			
<400> 7	77			
	77		4.4	
catttgggt	c a		11	
<210> 7	78			
<211> 1				
	NA			
_				

W U 2004/	059001		PC 1/EP2003/014008
<213> Homo	Sapiens		
<400> 778			
ttaaataaaa 1			11
<210> 779			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 779			
tacacagaac a			11
<210> 780			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sami au a		
•	Sapiens		
<400> 780 cagaccattg t			
ouguecuteg t			11
<210> 781	•		•
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,		
<400> 781 ccgtaggtgg g			•
cegtaggegg g		-	11
<210> 782			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 782			
tcagtgaatt a			4.4
			11
<210> 783			
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
	•		,
<400> 783 ggaaataaaa a			
ggaaacaaa a			11
<210> 784			
<211> 11 -<212> DNA			
	Sapiens		
*			
<400> 784 tgtccacaca t			11
<210> 785			+ +
<210> 785 <211> 11		•	
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 785		•	
tcaataaatt c			11
<210> 786			,
<211> 11			

WO 2004 /0	559001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 786 tgcactaccc t		11
<210> 787 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 787 caggtcattg c		. 11
<210> 788 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 788 gactctggaa a		11
<210> 789 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 789		11
<210> 790 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 790 tactgtaatt c		11
<210> 791 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 791 tgataatggt a		11
<210> 792 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 792 tacctaatta t		11
<210> 793 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 793 tcattcaaaa a		11
<210> 794		

WO 2004/ 0	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 794 gaataaacta a	1	11
<210> 795 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 795 caatcaacct c	:	11
<210> 796 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 796 gtatactact g		11
<210> 797 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 797 taaaatgttg t		11
<210> 798 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 798 tgcttgtcaa g		11
<210> 799 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 799 ttaataaatc a		11 .
<210> 800 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	.
<400> 800 gaatttgttc t		11
<210> 801 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 801 tgttctcatt g		11

	WO 2004/0	059001				PCT/EP20	03/014068
<21	0> 802						
<21							
<21							
<21		Sapiens			*		
<40	0> 802						
ctg	caggacc c	•			•		11
<21 <21							
<21							
<21		Sapiens			-		
		, paptens					
<40	0> 803 cctaaaa c	-					
		•	*				11
<21							
<21		•					
<21		~ .					
<21		Sapiens					
<40							
gac	caaaggg t						11
<21	0> 805			•			
<21							
<21							
<21:	3> Homo	Sapiens					
<400)> 805						
agc	acaggga c						11
<210)> 806						
<21:							
<212							
<213	3> Homo	Sapiens		*		•	
<400)> 806				-		
	gggagt t						11
401							T.T.
<210 <211							
<212							
<213		Sapiens					
<400 caaa	> 807 ittcttc c						4.4
							11.
<210							
<211							
<212		a '	*				
<213	OMOH	Sapiens					
<400							
- gcac	ggaaaa a	• •					11
<210	> 809						
<211							
<212	> DNA						
<213	> Homo	Sapiens					
<400	> 809						
	aatgca a			ý.			11
							-

1010	010	
<210>	810	
<211>	11	
<212>	DNA	~ ·
<213>	Homo	Sapiens
4400:	010	
<400>	810	
ggtacac	ata c	!
	_	
<210>	811	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo	Sapiens
		_
<400>	811	
tgacaca	gcc a	
-	_	
<210>	812	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>		Sapiens
		~~516113
<400>	812	
ggctttg		
ggullig	cac g	
<210>	012	
	813	
<211>	11 DN7	
<212>	DNA	
<213>	Homo	Sapiens
.400:		-
<400>	813	
agaccaa	tga a	
<210>	814	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>		Sapiens
		24220110
<400>	814	
ttaaagc		
adage(
<210>	815	
<211>	11	-
<211>		
	DNA	Q !
<213>	ното	Sapiens
4400:	04-	
 <400>	815	
actataa	cca t	
<210>	816	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>		Sapiens
<400>	816	
atttttgt		
	- u	
<210>	817	
<211>	11	*
<211>	DNA	
		Cania
<213>	nomo	Sapiens
<400>	817	

WO 2004/0	959001	PCT/EP2003/014068
agaaataagg a	ı	11
<210> 818 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 818 tttaaatagc c	•	11
<210> 819 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 819 gaggtcacct c		11
<210> 820 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 820 tggatggcct g		. 11
<210> 821 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 821 tctggcccag c		11
<210> 822 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 822 attgacaaca g		11
<210> 823 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 823 tcatttggtg t		11
<210> 824 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 824 tttgaggatt g		11
<210> 825 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

W O 2004/0	59001	PC 1/EP2003/014008
<400> 825 tttactttgg g		11
<210> 826 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 826 taaagcttag t	• •.	11
<210> 827 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 827 acattgcagc c		. 11
<210> 828 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 828 ttttggatcc a		. 11
<210> 829 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 829 ttgacaaact a		11
<210> 830 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 830		
aacaagccaa a		11
<210> 831 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 831 gaagatattc c		11
<210> 832 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 832 caatgttatt t		11
<210> 833 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	

	., 5							101,2120	,011000
	<400> cagattt	833 ttg t							11
	<210> <211> <212> <213>	834 11 DNA Homo	Sapiens			N.			
	<400> cagtttg	834 cat c		•	-		•		11
	<210> <211> <212> <213>	835 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> tatcccta	835 aag g							11
	<210> <211> <212> <213>	836 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> gacttctq	836 gtc c			·			•	11
-	<210> <211> <212> <213>	837 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> gtaaaaco	837 ccg t							11
	<210> <211> <212> <213>	838 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> caggaact	838 :ga a							11
	<210> <211> <212> <213>	839 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> ctggtcct	839 :gg a							11
	<210> <211> <212> <213>	840 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> tgtctccg	840 jtc t							11
	<210> <211> <212>	841 11 DNA							

WO 2004/059001			PCT/EP2003/014068
<213>	Homo	Sapiens	
<100>	0.41		
<400> tccatta	841		
cccacca	aaaa t		11
<210>	842		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	842		
ttgtgtd	caa a		11
Z0105	0.40		
<210> <211>	843 11		
<212>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400>	843		
tcctgta	aat t		11
<210>	0.4.4		
<210>	844 11		
<211>	DNA		
<213>		Sapiens	
		- ap = 00	
<400>	844		
ctgttct	ctt g	*	11
2010S	0.45		
<210> <211>	845 11	•	
<211>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400>	845		
tagcaaa	gat t		11
<210>	846		
<211>	11		•
<212>	DNA		•
<213>		Sapiens	
,			
<400>	846		
agggato	gaa a		11
<210>	847		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400>	847		
ctaagcg	cag g		11
<210>	848		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400>	848		
acgaata	gag c		11
<210>	849		
<211>	11		
_			109/407

WO 2004/0	059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 849 gctggaggag g	I	11
<210> 850 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 850 tatacaaacc a		11
<210> 851 <211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 851 aaccagaaaa t		11
<210> 852 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 852 ttgctagagg g		11
<210> 853 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 853 taaaattgct g		. 11
<210> 854 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 854 gatatcagtc t		11
<210> 855 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 855 tagtaagtca t		11
<210> 856 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 856 gtgatgtacg g		11
<210> 857		

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 857 ctgccataac t		11
<210> 858 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 858 tcaagaaaca t		11
<210> 859 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 859 gattacctgt g		11
<210> 860 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 860 cagataaacc a		11
<210> 861 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 861 tttttgtatt a		11
<210> 862 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 862 gcccagcggc c		11
<210> 863 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 863 ggaagatgaa c		11 /
<210> 864 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 864 caaaaggctc t		11

	wo :	2004/0	59001		PCT/EP2003/014068
	<211> <212>	865 11 DNA Homo	Sapiens		•
	<400> taatttct	865 :ca a			11
	<211> <212>	866 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> atgttgcc	866 cc t			11
-	<211> <212>	867 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> acacacaa	867 .aa a			11
	<211> <212>	868 11 DNA Homo	Sapiens		
,	<400> gcgcatca	868 aa a			11
	<211> <212>	869 11 DNA Homo	Sapiens		**
	<400> agcttcta				11
	<211> <212>	870 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> gatttctt	870 tg a			<u>.11</u>
	<211> :	871 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400>	871 gc a	-		11
	<211> : <212> :	872 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> {	872 tg t		111/407	. 11
				111/40/	

11 0 2004/0	32001			1 C 1/E1 2005/014000
1010				
<210> 873				
<211> 11				
<212> DNA				
<213> Homo	Sapiens			
				_
<400> 873		*		
aagaaagttc t				11
	•			
<210> 874				
<211> 11				•
<212> DNA				
<213> Homo	Sapiens			
<400> 874				
ggggggtgga g				. 11
<210> 875	•		*	
<211> 11				
° <212> DNA	•			
<213> Homo	Sapiens			
<400> 875				
tcaataaatg t				11
				T T
<210> 876				
<211> 11				**
<212> DNA			1	
<213> Homo	Sapiens	,	•	
	-			
<400> 876				
ccagtacagc c				11
				T.T.
<210> 877		*		
<211> 11				
<212> DNA				
<213> Homo	Sapiens			
	_		•	
<400> 877				
ggtgtctgtg g				11
<210> 878				•
<211> 11				
<212> DNA				,
	Sapiens			
<400> 878				
tggctgggaa a				11
				4 4
<210> 879				
<211> 11				
<212> DNA				
	Sapiens			
<400> 879				e dise
gatagttgtg g				11
				ТТ
<210> 880				
<211> 11				
<212> DNA				
	Sapiens			
	-			
<400> 880				

77 0 2004/0	557001	1 C 1/E1 2005/014000	
gactctgaaa a	a	11	
<210> 881 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens		
<400> 881 cagtgaatga a		11	
<210> 882 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 882 cacaaaatct c	Sapiens		
<210> 883 <211> 11 <212> DNA	o Sapiens	11	
<400> 883		11	
<210> 884 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 884 caattccttc a		11	
<210> 885 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 885 tgccagaaat g	Sapiens	11	
<210> 886 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·	
<400> 886 tatatggatg t		11	
<210> 887 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 887 tggcctaata t		11	
<210> 888 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> 888 cctgagttga t	11
<210> 889 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	
<400> 889 ttctctgctc a	11
<210> 890 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	ns
<400> 890 tctgttattg g	
<210> 891 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	
<213> Homo Sapier <400> 891 taaatgteet g	11
<210> 892 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	
<213> Homo Sapier <400> 892 tacactactg a	11
<210> 893 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapien	
<400> 893 tataatttgt g	 11
<210> 894 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapien	s
<400> 894 ctttttggaa a	11
<210> 895 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapien	s ····································
<400> 895 agatgtgagt g	11
<210> 896 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapien	s

W O 2004	1057001	1 C 1/E1 2005/014000
<400> 896		11
<210> 897 <211> 11 <212> DNA		
<400> 897 tggaaagcta		11
<210> 898 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 898 ctaagtagag	t	11
<210> 899 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 899	t	11
<210> 900 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 900 tgtgggagta	g	11
<210> 901 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 901 gaaaaggaat <210> 902	a ·	11
<211> 11 <212> DNA		
<400> 902 aaaaaatgct	С	11
<210> 903 <211> 11 <212> DNA <213> Home		
<400> 903 tagttgtgcc	t	11
<210> 904 <211> 11 <212> DNA	=	

WO 2004/059		9001	PCT/EP2003/014068
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	904		
caataaa			1.1
caacaaa	icty c		11
<210>	905		
<211>	11	•	
<212>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400>	905		
gttgggc	gtg g		11
<210>	906		
<211>	11		
<212>	DNA		,
<213>		Sapiens	
			•
<400>	906		
aaattgt	tgt g		11
4010s	007		
<210>	907		
<211> <212>	11		
<212 <i>></i>	DNA		
\213 \	ношо	Sapiens	
<400>	907		
accagag	aca t		11
<210>	908		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	908		·
actattt			11
•			T T
<210>	909		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	909		
gagggaa			11
			11
<210>	910		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	910		
gatggga			4.4
29994	c		11
<210>	911		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400>	911		
tgtatgt	cgc a		11
<210>	912		
<211>	11		

WO 2004/059001		001	PCT/EP2003/014068
<212>	DNA		
<213> <400>	Homo Sa	apiens	
tcagtg			11
<210> <211>	913 11		
<212> <213>	DNA Homo Sa	apiens	
<400>	913		
gcagca	gata a		11
<210> <211>	914 11		,
<212> <213>	DNA Homo Sa	apiens	
<400> cctcct	914		
CCCCCC	aaya y		11
<210>	915		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sa	apiens	
<400>	915		
tgatgt	erge e		11
<210> <211>	916 11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sa	apiens	
<400>	916		•
ttgaaat	tgt a		11
<210>	917		
<211>	11		
<212> <213>	DNA	miana	
<400>	Homo Sa 917	prens	
aaaataa			11
<210>	918		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sa	piens	
<400> cgcacac	918 aca t		11
-<210>	919		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sa	piens	
<400>	919		1
ttaggga			11
<210>	920		

W U 2004/	059001			PC 1/EP2003/01	4000
<211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens				
<400> 920 gctgtcttta	a .			. 11	
<210> 921 <211> 11 <212> DNA					
	Sapiens				
<400> 921 gctcattaaa (ı			11	
<210> 922 <211> 11					
<212> DNA				-	
	Sapiens				
<400> 922 gcacttcaaa	2			11	
<210> 923				11	
<211> 11					
<212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 923	*				
caccctgtac a				11	
<210> 924 <211> 11		•			
<211> II <212> DNA					
<213> Homo	Sapiens				
<400> 924 ttttttgtaa g		•			
				. 11	
<210> 925 <211> 11					
<212> DNA					
<213> Homo	Sapiens		*	•	
<400> 925					
tctgtttacc t				11	
<210> 926 <211> 11					
<211> 11 <212> DNA					
	Sapiens				
<400> 926					
caaatgaata a				11	
<210> 927					
<211> 11					
<212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 927					
tttgtggcta t				11	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<210> 928 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 928 agatgtttgg t		11
<210> 929 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 929 tccaaaaaaa a		11
<210> 930 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 930 ttaatattct a		11
<210> 931 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 931 caaataaaaa a		
<210> 932 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	÷
<400> 932 acatttcctt t	•	. 11 .
<210> 933 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 933 gcattgtgac t		_11_
<210> 934 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 934 tttccagcat t		11
<210> 935 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 935 aataaaaact t	119/407	11

W O 20	04/059001	PC 1/EP2003/01400
	36	
<211> 1	1	
<212> D	NA	
	omo Sapiens	
	•	
	36	
taaacttgt	a C	11
<210> 9	37	
<211> 1		
<212> D	NA	
	omo Sapiens	
<400> 9	37	
ggctcagac		
ggcccagac	.	11
	38	
<211> 1		
	AN	
<213> H	omo Sapiens	
<400> 9	38	
tattaagct		A 4
900	J	_ 11
<210> 9	39	
<211> 1		
	NA	
	omo Sapiens	
<400> 9	20	
	39	
ttttatact	g c	11
<210> 9	40	
	1	
	NA	
	omo Sapiens	
	_	
	40	
agaggaggc	a g	11
<210> 9	41	
<211> 1		•
	NA	-
	omo Sapiens	
	11	
gccattcaa	a a	11
<210> 9	12	
<211> 1:		
	AIA	
	omo Sapiens	
<400> 9		
gaatactact	: c	11
<210> 94	13	
<211> 1:		
	JA	
	omo Sapiens	
<400> 94	13	

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
ttagttctta g	11
<210> 944 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 944 ataactttga g	11
<210> 945 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 945 tatataatgt g	
<210> 946 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 946 aaagcatccc t	. 11
<210> 947 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 947 cttttttct t	11
<210> 948 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 948	
ggaattttat g	11
<210> 949 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	•
<400>-949 cttcaacaac c	11
<210> 950 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 950 gattcacttc c	11
<210> 951 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	_

WO 2004/9	059001				PCT/E	CP2003/014068
<400> 951 tgaaaaataa						11
<210> 952 <211> 11 <212> DNA <213> Home						
<400> 952 tatttattgt						11
<210> 953 <211> 11 <212> DNA <213> Home						
<400> 953 cttttcaaaa a				b		11
<210> 954 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens					•
<400> 954 gtttgtcaat q	g					11
<210> 955 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens					
<400> 955 acacttgtac a	a					. 11
<210> 956 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	-				
<400> 956 ctttactgtc t	=		,			11
<210> 957 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens					
<400> 957 ctggatgggt t	:					11
<210> 958 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 958 aaatcttggt t						11
<210> 959 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					

<400> 959		
gatgggattg t	<u>.</u>	11
<210> 960		
<210> 960 <211> 11		
<212> DNA		
	Sapiens	
<400> 960		
<400> 960 aagggatgct g		
aagggacgee g		11
<210> 961		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
12107 1101110	aptens	
<400> 961	•	
cctcatttcc c		11
<210> 962		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 962	•	
aggaggggaa c		
		11
<210> 963		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	,	
<400> 963		
gtaataaaca g		11
<210> 964		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 964	•	
tatttactct g		11
<210> 965		
<210> 965 <211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 965		
agaaagcagt t		
		11
<210> 966		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 966		
tgaaacaagc a		11
<210> 967		
<211> 11		
<212> DNA		

W U 2004/0	59001	PC1/EP2003/0	14000
<213> Homo	Sapiens		
<400> 967			
aaaaaataaa c		1:	1
<210> 968			
<211> 11	•		,
<212> DNA			
	Sapiens		
<400> 968			
gagacettet t		,	L
<210> 969			
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens	•	v
<400> 969	oup to the		,
caaggtttat a		. 11	Ì
J J		. 11	•
<210> 970			
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
	papiens		
<400> 970 ggcactcctg t			
ggcaccccig t	•	11	•
<210> 971			
<211> 11			
<212> DNA			
	Sapiens		
<400> 971			
ttgagcttat g		11	
<210> 972	•	,	
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 972			
ttagctgtta a		11	
<210> 973			
<211> 373			
<212> DNA			
	Sapiens		
<400> 973			
<400> 973 gaattccagt t			
January C		11	
<210> 974			r
<211> 11			
<212> DNA	Com		
<213> Homo	ъар.		
<400> 974			
tggacagaaa t		11	
<210> 975			
<211> 11			

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 975 tcataccatt g		11
<210> 976 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 976 tcatctgcaa a		11
<210> 977 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 977 taagtgactg t	•	11
<210> 978 <211> 11 <212> DNA	Con ton a	
<400> 978	Sapiens	44
ttagaaacag t	·	11.
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 979 gatccaggct t		11
<210> 980 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 980 ttttgcctaa t		11
<210> 981 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 981 tatttatgga g		11
<210> 982 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 982 aatccccatc c		11
<210> 983		

WO 2004	059001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Hor	A no Sapiens	
<400> 983 taatcttggg		11
<210> 984 <211> 11 <212> DNI <213> Hor		
<400> 984 ccagcagcac		11
<210> 985 <211> 11 <212> DNF <213> Hom		
<400> 985 ggtttgtgga		11
<210> 986 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 986 gacaaagcaa	g	11
<210> 987 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 987		11
<210> 988 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	o Sapiens	
<400> 988 aataagccaa	t	11
<210> 989 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	o Sapiens	
<400> 989	3	.11 .
<210> 990 <211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens	
<400> 990 gacactccca		11

	WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068			
	<210> 991 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens				
	<400> 991 aaaataaagc t		11			
	<210> 992 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	<400> 992 caaattacaa t		. 11			
-	<210> 993 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	11			
	<400> 993 tctttgtggg c	•	11			
	<210> 994 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	<400> 994 tgaaaaatgc t		11			
	<210> 995 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	<400> 995 actcagecee c	·	11			
	<210> 996 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	<400> 996 tcaaaaatgt t		11			
	<210> 997 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	<400> 997 aaaattgggg g		11			
	<210> 998 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	<400> 998 gatcgtatgt t		11			

<210>	999		
<211> <212>	11 DNA		
<213>		Sapiens	
		_	
<400>	999		
ctgccct	tgga a		
<210>	1000		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<100S	1000		
<400> cactttt	1000 tota t		
ou o o o o o	cocy c		
<210>	1001		
<211>			
<212> <213>	DNA	Sapiens	
12107	HOIRO	sapiens	
<400>	1001		
tgaatto	gtga t		
<210>	1002		
<211>	11	*	
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	1000		
caaataa	1002		
oaaacao	icaa g		
<210>	1003		
<211>	11		
<212> <213>	DNA	Sapiens	
(213)	HOMO	aptens	
<400>	1003		
tgaaatg	jttt t		
<210>	1004		
<211>	11		
. <212>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400>	1004		
cagcttt	1004		
	900 9		
<210>	1005		
<211>	11		
<212> <213>	DNA	laniona	
~~±J/	1101110	Sapiens	
¹ <400>	1005		
cagcaat			
∠21.0N	1000		
<210> <211>	1006 11		
<212>	DNA		
<213>		apiens	
<400>	1006		

W C 2004/	35001	1 C 1/E1 2005/014000
ttattgttgc a	ı	11
<210> 1007 <211> 11	,	
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1007 tcattcaaca		11
<210> 1008 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1008 aacaaggtga g		11
<210> 1009 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1009 gtaataaagc c		11
<210> 1010 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 1010 ttccaaacct c		
<210> 1011		11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1011 gggtccttga g		. 11
<210> 1012 <211> 11		
	Sapiens	
<400> 1012 ttaagggatg a		11
<210> 1013 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1013 gttttctttc t		11
<210> 1014 <211> 11 <212> DNA	Conto	
<213> Homo	Sapiens	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 1014 tgtggttatc c		11
<210> 1015 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1015 ttcacttatg g		11
<210> 1016 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1016 ctttcaatgt t		11
<210> 1017 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1017 aagggacatt a		11
<210> 1018 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1018 aaggaatgaa t		11
<210> 1019 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1019 taaagatcct c		. 11
<210> 1020 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1020 aaaaaccctt a		11
<210> 1021 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1021 gatgctgatt a		11
<210> 1022 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

W	J 2004/0	37001
<400>	1000	
<400> caagtti	1022 tcca a	
<210> <211>	1023 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo	Sapiens
<400>	1023	
tctgtaa		
<210>	1024	
<211>	1024	
<212>	DNA	
<213>	Homo	Sapiens
<400>	1024	
gaattt		
<210>	1025	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo	Sapiens
<400>	1025	
agagaga	agag a	
<210>	1026	
<211>	11	
<212> <213>	DNA	Caniana
-2±3/	ПОШО	Sapiens
<400>	1026	
ttgcttt	ittt c	
<210>	1027	
<211>	11	
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens
*		~~b.t.e.119
<400>	1027	
tcagcaa	iggg a	
<210>	1028	
<211> <212>	11 DNA	
<213>		Sapiens
<400> tagatgt	1028	
<210>	1029	
 <211> <212>	11 DNA	
<213>		Sapiens
<400>	1029	
agtccta		
<210> <211>	1030 11	
<212>	DNA	

WO 2004/059001								PCT/EP2003/014068		
<213>	Homo	Sapiens								
<400>	1030									
taatatga								11		
	1031	-								
	11 DNA									
		Sapiens								
<400>	1031									
taccttta	_							11		
	1032									
	11		,							
	DNA Homo	Sapiens								
<400> tgctgttg	1032 ct g							11		
								T. T.		
	1033 11									
	DNA									
		Sapiens								
<400>	1033	-								
gcaaatgta	ac a							11		
	1034									
	11									
	DNA	Coniona								
	1034	Sapiens								
tacatagta						·		11		
4010								T-T-		
	1035 11									
	DNA					1				
		Sapiens								
	1035						•			
acagaagco	ca g							11		
	1036									
	11									
	ANG	Sapiens								
(210)	TOILO	paprens				*				
	1036									
tgtcttccg	gt c							11		
<210> 1	1037									
<211> 1	11				•	r v '	** **	•		
	ANC.	a 1								
<213> H	iomo	Sapiens								
<400> 1	1037									
taaacaggt								11		
1010					•		i			
	L038 L1									
~~±±/ 1	ь±			122/407						

WO 2004/0)59001	PCT/EP2003/01	14068
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1038		11	
<210> 1039 <211> 11)		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1039 aagaaaagaa g		11	
<210> 1040 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 1040	Sapiens		
ggtgagctac t	:	11	
<210> 1041 <211> 11 <212> DNA			
<400> 1041			
gccttatgta t <210> 1042		11	
<211> 11 <212> DNA			
<400> 1042			
<pre>aagtagctgg c <210> 1043</pre>		11	
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1043	_		
<210> 1044		11	
<212> DNA	Sapiens		
<400> 1044 tgtctttgtg t		11	
<210> 1045 <211> 11 <212> DNA	,		
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1045 ataaacctat t		11	
<210> 1046			

<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1046 aagtaagtct a	11
<210> 1047 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1047 gacccgctgg g	11
<210> 1048 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1048 gcaggatcca a	11
<210> 1049 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1049 cctggggtaa g	11
<210> 1050 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1050 taaccccaaa t	. 11
<210> 1051 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1051 ctgcttaaag a	11
<210> 1052 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1052 atgttttgta a	. 11
<210> 1053 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1053 tgtacttatt g	11

	WO	2004/0	059001	PCT/EP200)3/014068
	<210> <211> <212> <213>	1054 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> tctggact	1054 ttt t			11
	<210> <211> <212> <213>	1055 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> gattccat	•			11
	<210> <211> <212> <213>	1056 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> ttaaacc				11
	<210> <211> <212> <213>	1057 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> ccccaate	1057 gct t	,		11
	<210> <211> <212> <213>	1058 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> cctagaa	1058 tct g			11
	<210> <211> <212> <213>	1059 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> atgttgt	1059 caa t			11
	<210> <211> <212> <213>	1060 11 DNA Homo	Sapiens		
-	<400> ttcctgta	1060 aaa a			11
	<210> <211> <212> <213>	1061 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> tgaaact	1061 gca a			11

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	1062 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> gcagago	1062 agt c	21 T		.*		11
<210> <211> <212> <213>	1063 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ggagaat						11
<210> <211> <212> <213>	1064 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> agaaaaa	1064 aaa c					11
<210> <211> <212> <213>	1065 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ctgagaa	1065 igcg g					11
<210> <211> <212> <213>	1066 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> cttaaaa	1066 aata c				,	11
<210> <211> <212> <213>	1067 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> atgcttt	1067 ggt t					11
<210> <211> <212> <213>	1068 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> aacagag	1068 gaat c		-			11
<210><211><211><212><213>	1069 11 DNA Homo	Sapiens				
<400>	1069			136/407		

,, 0 2001,0		1 0 1/21 2000,01	
ttattgttaa a		11	
<210> 1070 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1070 aggccttcag t		11	
<210> 1071 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1071 taccccttga a		11	
<210> 1072 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1072 gacaagaaac a		11	
<210> 1073 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1073 caattttatt a		11	
<210> 1074 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1074 cattcattgg t		11	
<210> 1075 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1075 tttattacaa a		11	
	Sapiens		
<400> 1076 cccctgccat a		11	
<210> 1077 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		

WO 2004/0	59001		PCT/EP2003/014068
<400> 1077 actactttta g			11
<210> 1078 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1078 acaaagaaaa a		•	11
<210> 1079 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1079 gttctcttga t			11
<210> 1080 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1080 aggttttcat a			11
<210> 1081 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1081 ttgaataaaa g			11
<210> 1082 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1082 aggacaatgc t			11
<210> 1083 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1083 tttccttaca g			11
<210> 1084 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1084 ttgttgcaaa a			11
<210> 1085 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	138/407	

PCT/EP2003/014068

<400> 1085 11 cttaatacta c 1086 <210> 11 <211> <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1086 11 gtgtttaaag a <210> 1087 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1087 11 atggaatgct a <210> 1088 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1088 11 ttttgtattt g <21.0> 1089 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1089 11 gactccgaag t <210> 1090 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1090 11 gagtctaagg g 1091 <210> <211> 11 <212> DNA<213> Homo Sapiens <400> 1091 11 ggttgattct g 1092 <210> <211> 11 <213> Homo Sapiens <400> 1092 11 ctagggctcg g 1093 <210> <211> 11 <212> DNA

139/407

***	<i>)</i> 2004/0	137001						1 C 1/E1 2	/00 <i>5</i> /01 1 000
213>	Homo	Sapiens		*					
400>	1093								
									11
210>	1094								
	11				Aut				
		Sapiens						4	
accita	tat t								11
210>	1095								
211>	11								
								•	
213>	Homo	Sapiens							
400>	1095								
									11
			ė						
		Sapiens							
		,							
400>	1096								
tttatt	tcc a								11
210>	1097								
212>	DNA								
213>	Homo	Sapiens							
400>	1007								
									11
							•		
					-				
		Saniens							
	1101110	сартопо							
400>	1098								
catagt	tct a								11
210>	1099								
212>	DNA		•						
213>	Homo	Sapiens							
1005	1000								
gacgee									11
210>	1100								
211>	11								•
	DNA	0							
Z T 3 >	ното	sapiens							
400>	1100								
									11
711>	ТТ								
	213> 400> caaaag 210> 211> 212> 213> 400> dataag 211> 212> 213> 400 cg 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2213> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 400> dataag 210> 2211> 2212> 2213> 400> dataag 210> 2211> 2212> 2212> 2213> 400> dataag 210> 2211> 2212> 221	213> Homo 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1095 gccgtgttg t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1096 ttattcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1096 ttattcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1097 tctccaaac c 210> 1097 tctccaaac c 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1098 catagttct a 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1099 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo	213> Homo Sapiens 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1095 gccgtgttg t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 cttattcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 cttattcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1097 tctccaaac c 210> 1097 tctccaaac c 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttct a 210> 1098 catagttct a 210> 1099 gatgtcctc c 210> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens	213> Homo Sapiens 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1095 gccgtgttg t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 ctttattcc a 210> 1096 ctttattcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttatttcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1097 tctccaaac c 210> 1097 tctccaaac c 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttct a 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttct a 210> 1099 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens	213> Homo Sapiens 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1095 gccgtgttg t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttatttcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttatttcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1097 tctccaaac c 210> 1097 tctccaaac c 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttct a 210> 1098 catagttct a 210> 1099 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1009 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1100 ctgtaaaaaa a 210> 1101	213> Homo Sapiens 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1095 gccgtgttg t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttattcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1097 tctccaaac c 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttct a 210> 1099 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c	213> Homo Sapiens 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1095 gccgtgttg t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttatttcc a 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttatttcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1097 tctccaaac c 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttct a 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttct a 210> 1099 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 gatgtcctc c 210> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 1100 211> 111 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcctc c 210> 1100 211> 1100 211> 111 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtcaaaaa a 210> 1100 ctgtaaaaaa a	213> Homo Sapiens 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1095 gccgtgttg t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttatttcc a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1097 tetccaac c 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 atcapage a com	213> Homo Sapiens 400> 1093 caaaagtaa a 210> 1094 211> 11 212> DNN 213> Homo Sapiens 400> 1094 atcttatat t 210> 1095 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1095 cccttyty t 210> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttattec a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1096 tttattec a 210> 1097 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttet a 210> 1098 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1098 catagttet a 210> 1099 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 catagtetete a 210> 1099 211> 11 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtecte c 210> 1100 211> 110 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtecte c 210> 1100 211> 110 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtecte c 210> 1100 211> 110 212> DNA 213> Homo Sapiens 400> 1099 gatgtecte c 210> 1100 ctytaaaaa a 210> 1101

WO 200-	W037001	1 C 1/E1 2005/014000
<212> DNA <213> Hom	o Sapiens	
<400> 110 ccccgcctcc		11
<210> 110 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 110		11
<210> 110 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	•	
<400> 110 atgaataaaa		11
<210> 110 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 110		11
<210> 110 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 110 cagttaagtg		11
<210> 110 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 110 aagaaaccct		11
<210> 110 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 110	7	11
<210> 110 <211> 11 <212> DNA		
<213> Hom <400> 110	o Sapiens	
tgtaccccgc <210> 110	t	11

<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	1109		
ttgggc			11
<210> <211>	1110 11		
<212>	DNA		
<213>		Sapiens	
44005			
<400> ctgtat	1110 ottt a		11
oogaac	good a		11
<210>	1111		
<211> <212>	11		
<213>	DNA	Sapiens	
		oup 10115	
<400>	1111		
tttctt	gtaa a		11
<210>	1112		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	HOMO	Sapiens	
<400>	1112		
gagtgg	agag g		11
<210>	1113		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	1113		
gtaaaa			. 11
<210>	1114		
<211>	1114		•
<212>	DNA		
<213>	Homo	Sapiens	
<400>	1114		
ttaagaa			11
			±.±.
<210> <211>	1115 11		
<211>	DNA		
<213>		Sapiens	
<400> tgtatgt	1115		
- cycacy	aaa l	- 	. 11
<210>	1116		
<211>	11		
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens	
/CT7/	1101110	Poptella	
<400>	1116		
tgtccac	etgt c		11

PCT/EP2003/014068

W U 2002	4/059001		PC1/EP2003/014068
<210> 111 <211> 11 <212> DNA <213> Hom			
<400> 111 gactgtctca			11
<210> 111 <211> 11 <212> DNA <213> Hom			
<400> 111 caaccaaaag			. 11
<210> 111 <211> 11 <212> DNA <213> Hom			
<400> 111 aaatagctta			11
<210> 112 <211> 11 <212> DNA <213> Horr			
<400> 112 aagtggaagc			11
<210> 112 <211> 11 <212> DNA <213> Hom			
<400> 112 gttaccgagt			11 .
<210> 112 <211> 11 <212> DNA <213> Hom			
<400> 112 aaggttaaga			11
<210> 112 <211> 11 <212> DNA <213> Hom			
<400> 112 tatcaagcaa			11 · · ·
<210> 112 <211> 11 <212> DNA <213> Hom			
<400> 112 cagcataggc		143/407	11

143/407

<210>	1125	
<211>	11	
	DNA	Q !
<213>	Homo	Sapiens
	1125	
atgaaatt	ca a	
	1126	
	11 DNA	
		Sapiens
<400>	1126	
taagtgaa		
<210>	1127	
	1127	
<212>	DNA	
<213>	Homo	Sapiens
<400>	1127	
tgcagaag	gaa t	
<210>	1128	
	11	
	DNA	Caniona
\Z13 /	пошо	Sapiens
	1128	
cacgacag	itc c	
	1129	
	11 DNA	
	DNA Homo	Sapiens
<400> tctctaaa	1129	
	1130	
	11 DNA	
		Sapiens
	1130	
<400> tgttacct		
	1131 11	
	DNA	
<213>	Homo	Sapiens
	.1131	
tagggttg		
<210>	1132	
<211>	11	
	DNA	Q !
<213>	Homo	Sapiens
<400>	1132	

			,0,001					101/	
	aatgtca	ttg g							11
	<210> <211> <212> <213>	1133 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> taataaa	1133	-	·					11
	<210> <211> <212> <213>	1134 11 DNA Homo	Sapiens				•		
	<400> aatatga	1134 tga c							11
	<210> <211> <212> <213>	1135 11 DNA Homo	Sapiens				·		
	<400> tgtaaaca	1135 aat t							11
	<210> <211> <212> <213>	1136 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> tactaaaa					,			11
	<210> <211> <212> <213>	1137 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> aggtcage				e e .				11
	<210> <211> <212> <213>	1138 11 DNA Homo	Sapiens						
	<400> gtaaaact	_							11
.,	<210><211><212><213>	1139 11 DNA Homo	Sapiens						•
	<400> cagaacat	1139		•				· ·	11
	<210> <211> <212> <213>	1140 11 DNA Homo	Sapiens						

W O 2004/03	59001		PC 1/EP2003/014008
4400> 1140			
<400> 1140			
actaagtgct a			11
<210> 1141			
<211> 1141			
<211> 11 <212> DNA			
	Cantana		
ZISZ HOIIIO	Sapiens		
<400> 1141		•	
ctttcttaat a			11.
occoocaac a			T.T.
<210> 1142			
<211> 11			
<212> DNA			
	Sapiens		
	-		
<400> 1142			
atagtttagc a			11
	*		
<210> 1143			•
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1143			
ttttttataa t			11
-040			
<210> 1144			
<211> 11			
<212> DNA	0		
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1144			
tgattaaaac a			
cgaccaaaac a			
<210> 1145			
<211> 11		•	-
<212> DNA			
	Sapiens		
	_		
<400> 1145			
tatattatga c	•		. 11
<210> 1146			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		•
		•	
<400> 1146			
gatatagaga g			11
2010\ 114B			
<210> 1147			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo			
~~TTON HOMO	Sapiens		
<400> 1147			
gctcatttga c			4.4
goodactiga C			11
<210> 1148			
<211> 11			
<212> DNA			
	Sapiens		
		1.47/407	

W	O 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> ttttata		11
<210>	1149	
<211>	11	
<212>	DNA	•
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1149	
taaact	yttt a '	11
<210>	1150	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1150	
tacaaca	ngca t	11
<210>	1151	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1151	
ctgatat	gat a	11
<210>	1152	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1152	
ttacaaa	tgc a	11
<210>	1153	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1153	
agtacgt	aaa a	11
<210>	1154	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1154	
aatacaa	acc t	11
<210>	1155	
<211>	11	
<212>	DNA.	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1155	
aatggaa		11
<210>	1156	
<211>	11	
<212>	AND	

***	U 2004/03	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,	1 C 1/E1 200	'J/U17UU
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	1156			
ggctgc				11
<210>	1157			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	ното	Sapiens		
<400>	1157			
gaacaa	atgg g			11
<210>	1158			
<211> <212>	11 DNA			
<213>		Sapiens		
		•		
<400> aggcctt	1158 tott a			
				11
<210> <211>	1159 11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	1159			
taaatg				11
<210>	1160			
<211>	11			
<212> <213>	DNA	Comitana		
72137	HOILLO	Sapiens		
<400>	1160			
ccacaga	aat a			11
<210>	1161			
<211> <212>	11 DNA			
<213>		Sapiens		
<100×		_		
<400> ccactgt	1161 aca t			
				11
<210> <211>	1162 11			
<212>	DNA			
<213>	Homo S	Sapiens		
<400>	1162			
agttgta				11
<210>	1163		•	=
<211>-	. 11	-		
<212> <213>	DNA Homo S	lanion-		
-CT3/	1101110 2	Sapiens		
<400>	1163			
tcccaag	caa a		1	.1
<210>	1164			
<211>	11			

77 O 2 00 4 /0	37001	1 C 1/E1 2005/01400
-010\ D373		
<212> DNA <213> Homo S	apiens	
\215\\ 1101110 B	aptono	
<400> 1164	·	1 1
cagaccctcc c		11
1010> 1105		
<210> 1165 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	•	
<400> 1165		11
gaattgaata a		
<210> 1166		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1166		
gatttttgta a		11
_		
<210> 1167		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1167		11 .
tagaagcttc c		
<210> 1168		
<211> 11		
<212> DNA	and the same	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1168		
tagcaatgtt c		11
1010: 1100		
<210> 1169 <211> 11		
<212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1169		11
tgaaataaaa a		
<210> 1170		•
<211> 11	•	
<212> DNA	Conjung	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1170		
tccacaagac c		11
<210> 1171		
<210> 1171 <211> 11	•	
<211> II		
<213> Homo	Sapiens	
.400: 4104		
<400> 1171 ggaattccta t		11
ggaacccca		
<210> 1172		*

WO 2004/059	9001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1172 aaaaataaag t		11
<210> 1173 <211> 11		
<212> DNA	Sapiens	·
<400> 1173		
agaataaagc t <210> 1174		
<211> 11 <212> DNA		
<213> Homo S	Sapiens	
tggatatttc t		11
<210> 1175 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1175 ttctaatttc c		11
<210> 1176 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1176 gctgaaaaaa a		. 11
•		. 11
<210> 1177 <211> 11		
<212> DNA		·
<213> Homo S	Sapiens	
taataaatgt g		11
<210> 1178 <211> 11	•	
<211> 11 <212> DNA		
<213> Homo S	Sapiens	
<400> 1178 gtggttcgtg c		11
<210> 1179		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1179		
ttattctttt t		11

WO 2004	/059001	PCT/EP2003/014068
<210> 118 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 118	0	
<210> 118 <211> 11 <212> DNA <213> Home		
<400> 118: tgcattaaat a	L	11
<210> 1182 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	2 O Sapiens	
<400> 1182 ttaataaact o		11
<210> 1183 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1183 tattgattgt a		11
<210> 1184 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1184 tgccaacttt t		11
<210> 1185 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 1185 cgtggggctg c		11
<210> 1186 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1186 gtttctctct g		
<210> 1187 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1187 caacageece a	151/407	. 11

	WO 2004/	337001		101/	E1 2005/01·
	<210> 1188 <211> 11				
	<212> DNA <213> Homo	Sapiens			
	<400> 1188 gctcactgca c				11
	<210> 1189 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
	<400> 1189				11
	<210> 1190 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
	<400> 1190 gcaaaaagaa a				11
	<210> 1191 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
	<400> 1191 ttgagataac t				11
	<210> 1192 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
	<400> 1192 cagaaacttt a				11
	<210> 1193 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
	<400> 1193 cagttgtggg a				11
	<210> 1194 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
-	<400> 1194 ctatgatgtc a				11
	<210> 1195 <211> 11 <212> DNA				
		Sapiens			
	<400> 1195		450/405		

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
ggattttggc c	11
<210> 1196 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1196 atgaatcttc c	11
<210> 1197 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	,
<400> 1197 caagatcata g	11
<210> 1198 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1198 agggaaaaaa t	11
<210> 1199 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	,
<400> 1199 tgtgatagta a	11
<210> 1200 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1200 gtataaaaaa a	11
<210> 1201 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	•
<400> 1201 aggacaaaaa a	11
<210> 1202 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1202 tactattatc t	11
<210> 1203 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	

W	O 2004/	059001				PCT/EP2003/014068
<400> atactt	120: ctcc a					
						11
<210>	1204	1				
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
4400-						
<400>	1204					
acagca	agat a	1				11
<210>	1205	5				
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>		Sapiens				,
			•			
<400>	1205					
gagggt	cctg t	:	•			11
<210>	1206	•				
<211>	1206)			*	
<212>	DNA					
<213>		Sapiens				
		Capicino				
<400>	1206					
taaaata	aagg g					11
401.05						. 11
<210> <211>	1207	-				
<211>	11 DNA					
<213>		Sapiens				
1210/	HOMO	paprens	4			
<400>	1207			•		•
ggggtta	iggg g					11
1010						ТТ
<210>	1208					
<211> <212>	11				•	
<213>	DNA	Sapiens			•	*
12107	HOIHO	paprens				
<400>	1208					
ctcttac		á				. 11
						11
<210>	1209					
<211>	11					
<212> <213>	DNA	Comi				
(213)	пошо	Sapiens				
<400>	1209					
gatttat						
						11
<210>	1210					
<211>	11					
<212>	DNA	0				
<213>	ното	Sapiens				
<400>	1210					
gagaggc						
						11
<210>	1211					
<211>	11					
<212>	DNA	a .				
<213>	Homo	Sapiens				

<400> taataaa	1211 aaa a					11
<210> <211>	1212 11					
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens				
<400> ccaaggc	1212 act g					11
<210> <211> <212>	1213 11 DNA					
<213> <400>	Homo 1213	Sapiens				•
<210>						11
<211> <212> <213>	11 DNA	Sapiens				
<400>	1214	<u>r</u>				11
<210> <211>	1215 11					<u> </u>
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens	-			
<400> tgatttg	1215 taa t					11
<210> <211> <212>	1216 11 DNA					
<213> <400>		Sapiens				
atgctaa						11
<211> <212> <213>	11 DNA	Sapiens				
<400> ctcaatt	1217 aaa c					11
 <210> <211> <212>	1218 11 DNA					
<213> <400>		Sapiens				
tctgcage	ggg c 1219					11
<211> <212>	11 DNA			155/405		

YY	O 2004/059001	PC1/EP2003/014008
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1219	
	aaat a	11
<210>	1220	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1220	
atttcc	atta a	11
<210>	1001	11
<211>	1221 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	. 1001	·
aggtcc	1221 aaga g	
		11
<210>	1222	
<211> <212>	11	
<213>	DNA Homo Sapiens	
	nome paptons	
<400>	1222	
gtcttca	aagc a	11
<210>	1223	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1223	
tctagcc	eact [†] g	11
<210>	1224	11
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1224	
catcttg		
		11
<210>	1225	·
<211> <212>	11 DNA	•
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1225	
atgaacc	ccc t	11
<210>	1226	
<211>	11	
<212> <213>	DNA	
-440/	Homo Sapiens	
<400>	1226	
ctattgaa	atg c	11
<210>	1227	7.1
<211>	11	

W	O 2004/0)59001				PCT/EP2	2003/014068	
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens						
<400> atttage	1227 gact g						11	
<210> <211> <212>	1228 11		- v				· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	-
<213>	DNA Homo	Sapiens						٠,
<400> tgtaati	1228 tata g		•	•			11	
<210> <211> <212> <213>	1229 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> cagtago	1229						11	
<210> <211> <212> <213>	1230 11 DNA Homo	Sapien <i>s</i>						
<400> ggagaac	1230						11 .	
<210> <211> <212>	1231 11 DNA			-			 .	
<213> <400>	1231	Sapiens						
<210>	1232						11	
<211> <212> <213>	11 DNA Homo	Sapiens						
<400> aaaaagc	1232 ctt c						11	
<210> <211> <212>	1233 11 DNA							
<213> <400>	Homo 1233	Sapiens			,			
cacactg	tga t					· · · ·	11	
<211> <212> <213>	11 DNA	Saniona				*		
		Sapiens				~		
<400> aaatgcca	1234 aca c						11	
<210>	1235							

WO 2	2004/059001	PCT/EP2003/0
2> [L1 DNA	
	Homo Sapiens	
> 1 gcagt	1235 c t	11
	.236 .1	
2> 0	.ı DNA Lomo Sapiens	
	.236	
caaactta		11
210> 1 211> 1	237 1	
12> D	NA omo Sapiens	
00> 1	237	
	238	11
211> 1		
	omo Sapiens	
100> 12 ggctgca	238 a a	
	239	11
	NA.	
	omo Sapiens	
100> 12 Iggcagggd	239 c c	. 11
210> 12 211> 11		
212> DN		
	Mo sapiens	
aatcaaga		11
210> 12 211> 11	241	
12> DN		
,	41	
ctggtga		, , 11 .
.0> 12 .1> 11	42	
.2> DN		
00> 12		
tctacac		11

wo	2004/059001	PCT/EP2003/014068
<210> <211> <212> <213>	1243 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gcttacct	1243 ttt c	11
<210> <211> <212> <213>	1244 11 DNA Homo Sapiens	
<400> ggccccgc	1244 gac c	11
<211> <212>	1245 11 DNA Homo Sapiens	
<400> ttctggct	1245 gc g	11
<211> <212>	1246 11 DNA Homo Sapiens	- <u>-</u>
<400> tctccagg	1246 aa c	11
<211> :	1247 11 DNA Homo Sapiens	 ,
<400> :	1247 ag a	11
<211> 1 <212> [1248 11 DNA Homo Sapiens	11
<400> 1	.248 -g g	11
<211> 1 <212> D	.249 .1 ONA Iomo Sapiens	**
<400> 1	249 et g	11
<211> 1 <212> D	250 1 NA omo Sapiens	
<400> 1 tggtttgcg	250 t a	11
	159/407	

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212>	1251 11 DNA	•			
<213>		Sapiens			
<400> cttatgg	1251 ttg a	. ;			11
<210> <211> <212>	1252 11 DNA				
<213>		Sapiens			
<400> cttttca	1252 igca a				11
<210> <211>	1253 11				
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens			
<400> cccaac	1253 ccct g				11
<210>	1254				
<211> <212>	11 DNA				
<213>		Sapiens			
<400> aatcca	1254 ggag g	•			11
<210> <211> <212>	1255 11 DNA				
<213>		Sapiens			
<400> ttaaga	1255 gggg g				11
<210> <211>	1256 11	j			
<212> <213>	DNA	Sapiens			
<400> gtactg	1256 tatg c				11
<210> <211>	1257 11	1		•	
<212> <213>	DNA	Sapiens		-	
<400>	1257	7			11
gcctat					
<210> <211>	1258 11	3			
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens			
<400>	1258	3	160/407		

W O 2004/0	37001	1 C 1/E1 2003/014000
ctgtgctcgg a		11
<210> 1259 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1259 gcagctcctg t		11
<210> 1260 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1260 gggctgggcc c		11
<210> 1261 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1261 gtctgacccc a		11
<210> 1262 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1262 gccgatcctc g <210> 1263		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1263 cccagggaga a <210> 1264		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1264 ggeteetega g		11
<210> 1265 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1265 gtggacccca a		11
<210> 1266 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WC	2004/0	59001	PCT/EP2	003/014068
<400>	1266			
ctggcgc				11
<210>	1267			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	1267			
atccgtg				11
accogc	المرات د			11
<210>	1268			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
			•	
<400>	1268			
tttgtta	att c			11
<210>	1269			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>		Sapiens		
		-		
<400>	1269		•	
gagcctt	ggt g			11
4010	1070			
<210> <211>	1270			
<211>	11 DNA			
<213>		Sapiens		
1210,	1101110	Dapieno		
<400>	1270			
tetgeet	ggg g			11
<210>	1271			
<211> <212>	11			
<213>	DNA	Sapiens		
72137	HOMO	paprens		
<400>	1271			
gctttca			·	11
<210>	1272			
<211>	11			
<212> <213>	DNA	Contona		
/ZI3>	HOIIIO	Sapiens		
<400>	1272			
actgag				11
<210>	1273			
<211>	11			
<212>	DNA	'ania'		
<213>	ното	Sapiens		
<400>	1273			
gagagt				11
2-3-3-1	, 9			тт
<210>	1274			
<211>	11		•	
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
			162/407	

•	3 2004/03/001		1 C 1/E1 2003/014008
<400> atccgq	1274 egec a		11
<210> <211> <212> <213>	1275 11 DNA Homo Sapiens		
<400> aaggad	1275 ettt t		. 11
<210> <211> <212> <213>	1276 11 DNA Homo Sapiens		
<400> gctcac	1276 ctgg a		. 11
<210> <211> <212> <213>	1277 11 DNA Homo Sapiens		
<400> ccacco	1277 cgaa t		
<210> <211> <212> <213>	1278 11 DNA Homo Sapiens		
<400> gacaat <210>	1278 gcca g 1279		. 11
<211> <212> <213>	11 DNA Homo Sapiens		
	1279 gac a .		11
<210> <211> <212> <213>	1280 11 DNA Homo Sapiens		
<400> gctaag	1280 aga t	•	11
<210> <211> <212> <213>	1281 11 DNA Homo Sapiens		
<400> atagac	1281 taa a		11
<210> <211> <212>	1282 11 DNA		

W U 200	J4/059001	PC 1/EP2003/01400
<213> Hor	mo Sapiens	
<400> 12	82	
caagttcttt		11
<210> 12	83	
<211> 11		
<212> DN		
<213> Hor	mo Sapiens	
<400> 128		
ccggacctgt	g	11
<210> 128	84	
<211> 11		
<212> DNZ <213> Hor		
	mo Sapiens	,
<400> 128		
atgtactaaa	g	11
<210> 128	85	
<211> 11		
<212> DNZ <213> Hon		
	mo Sapiens	
<400> 128		
cgtgggtggg	g ,	11
<210> 128	36	
<211> 11		
<212> DNZ		
<213> Hom	no Sapiens	
<400> 128	36	
agattatatg	t	11
<210> 128		
<211> 11	,	
<212> DNA	I	
<213> Hom	no Sapiens	
<400> 128		
ttcttgctta		11
<210> 128	88	
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Hom	no Sapiens	
<400> 128		
gccttgatga	τ	11
<210> 128	9	
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Hom	o Sapiens	
<400> 128	9	
tgagtggtca		11
Z210\ 100	0	±±
<210> 129 <211> 11	U	

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1290 cagggtcccc a	11
<210> 1291 <211> 11	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1291 cgagcttcca g	11
<210> 1292 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1292 tacgttgcag c	11
<210> 1293 <211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens <400> 1293 agcttattga g	. 11
<210> 1294 <211> 11 <212> DNA	
<212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1294	
atccacccgc c	
<210> 1295 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1295 cctgtacccc a	11
<210> 1296 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1296 atcaagaatc c	11
<210> 1297 <211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens <400> 1297	
actttttaaa a <210> 1298	
	1/5/407

	""	2004/0	57001	101/	E1 2005/014000
	<211>	11			
	<212>	DNA			
	<213>	Homo	Sapiens		
	<400>	1298			
	tcagaagi				11
			*		. 11
	<210>	1299			
	<211> <212>	11 DNA			
	<213>		Sapiens		
	<400>	1299			
	gagetee	aca g			11
	<210>	1300			
	<211>	11			
	<212> <213>	DNA	O = = 1	·	
	\213 >	HOIRO	Sapiens		
	<400>	1300			
	attgctt	ttg a			11
	<210>	1301			
	<211>	11			
	<212>	DNA			
	<213>	Homo	Sapiens		
	<400>	1301			
	gaggtgc				11
	<210>	1302			
	<211>	1302			
	<212>	DNA			
	<213>	Homo	Sapiens		
	<400>	1302			
	gaaggaga				11
	4			•	T.T.
	<210> <211>	1303 11			
	<212>	DNA			
	<213>		Sapiens		
	<400>	1202			
	attccaa	1303			11 .
					± ± .
	<210>	1304			
	<211> <212>	11 DNA			
	<213>		Sapiens		
			-		
	<400>	1304			
**	gcttata	yıc a			11
	<210>	1305			
	<211>	11			
	<212> <213>	DNA	Sanione		
	~213>	HOIRO	Sapiens		
	<400>	1305			
	tggggaa	aag t			11

WO 2004/0	059001	PCT/EP2003/014068
<210> 1306 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1306 ttacaacatt g		11
<210> 1307 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 1307 gccagtcaaa g		11
<210> 1308 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·
<400> 1308 tgccaggaca g		11
<210> 1309 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1309 tatttattga a		11
<210> 1310 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1310 ttcttctcgt g		11
<210> 1311 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1311 gattgctgga g		11
<210> 1312 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1312 ttgtattcca g		11
<210> 1313 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1313 ctaattcaga a		11

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	1314 11 DNA Homo Sapiens				
<400> tacatto	1314 tgt g				11
<210> <211> <212> <213>	1315 11 DNA Homo Sapiens				
<400> attttgt	1315 :gca a				11
<210> <211> <212> <213>	1316 11 DNA Homo Sapiens	• .			
<400> ggaatat	1316 tgca g				11
<210> <211> <212> <213>	1317 11 DNA Homo Sapiens				
<400> tggagc	1317 agtt g				11
<210> <211> <212> <213>	1318 11 DNA Homo Sapiens				,
<400> atggaa	1318 ggtg c				11
<210> <211> <212> <213>	1319 11 DNA Homo Sapiens				
<400> cctgcc	1319 caaag a				11
<210> <211> <212> <213>	1320 11 DNA Homo Sapiens				
<400> tacctt	1320 tcatt t				11
<210> <211> <212> <213>					
<400>			169/407		

	WU	2004/0	59001			P	. 1/EP20	03/014008	
	agtacgaa	atg c						11	
	<210>	1322							
	<211>	11							
		DNA							
	<213>	Homo	Sapiens						
	<400>	1322							
	aaattaaa							11	
	<210>	1323	-						
		11							
	,	DNA							
	<213>	Homo	Sapiens						
	<400>	1323							
	ccactcca							11	
	<010×	1204							
	<210> <211>	1324 11							
		DNA							
			Sapiens						
	<400>	1324							
	taaaagac							11	
	<210>	1325	,	,					
		11							
		DNA							
	<213>	Homo	Sapiens					-	
	<400>	1325							
	cttttctt							11	
	<210>	1326							
		11				-			
		DNA							
	<213>	Homo	Sapiens						
		1326							
	tattgaca	ac a						1,1	
	<210>	1327							
		11							
		DNA	0 '						
	<213>	HOMO	Sapiens						
		1327							
	gtggccac	gg c						11	
	<210>	1328							-
	<211>	11							
		DNA	0						
,- 4	<213>	номо	Sapiens						
		1328							
	atgcaaga	.ga g						11	
		1329							
		11							
		DNA	Sapiens						
	~Z±3/	TIOIIIO	Pahrenz						

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014068
<400> 1329 cttctcaggg t		11
<210> 1330 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		-
<400> 1330 aaacaaatca c		11
<210> 1331 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	•	
<400> 1331 agatectact t		11
<210> 1332 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 1332 cttggtaatt t		11
<210> 1333 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 1333 gtgtaaatgg a		11
<210> 1334 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 1334 agggcagtac t		11
<210> 1335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 1335 ctgagggccg g		11
<210> 1336 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 1336 ggagtctaac t		11
<210> 1337 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<400> 1337	
gtcaggttga g	11
<210> 1338	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1338 taacaaaaat g	
·	11
<210> 1339 <211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1339 gcagaaagtt c	
	11
<210> 1340	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1340 gtgttcccat a	
	11
<210> 1341 <211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1341	
tggaaataaa a	. 11
<210> 1342 <211> 11	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1342	
tcagatccgt c	11
<210> 1343 <211> 11	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1343	
ggaaagctgc a	11
<210> 1344 <211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1344	
cagcacatta t	11
<210> 1345 <211> 11	
<211> 11 <212> DNA	

W	O 2004/059001		PCT/EP2003/0140	68
<213>	Homo Sapiens			
<400> ttgtaaa	1345 cat t		11	
<210> <211> <212> <213>	1346 11 DNA Homo Sapiens			
<400> cctgagg	1346 gta c	•	11	
<210> <211> <212> <213>	1347 11 DNA Homo Sapiens	· .		
<400> taaaata	1347 aaga t		11	•
<210> <211> <212> <213>	1348 11 DNA Homo Sapiens			
<400> ttatgct	1348 Ettc a		11	
<210> <211> <212> <213>	1349 11 DNA Homo Sapiens			
<400> gcaaca	1349 catc t		. 11	
<210> <211> <212> <213>	1350 11 DNA Homo Sapiens			
<400> gaaaat	1350 . aaaa g		11	*
<210> <211> <212> <213>	1351 11 DNA Homo Sapiens			
<400> tgtaac	1351 ttcc t		11	
<210> <211> <212> <213>	1352 11 DNA Homo Sapiens			;. :
<400> gcaata	1352 atag g		11	
<210> <211>	1353 11			

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1353 ccgcttctgc c		11
<210> 1354 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1354 ttttaaaaat a		11
<210> 1355 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1355 taattaactc c		11
<210> 1356 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1356 agacgettet g		11.
<210> 1357 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1357 catttgaaag c		11
<210> 1358 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1358 tgtgctgaac a		11
<210> 1359 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1359 taattttgga t		11
<210> 1360 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	i ka ing panganan ang T
<400> 1360 gataaattaa a		11
<210> 1361		

WO 2004/0	959001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1361 gtttttaaat g		11
<210> 1362 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1362 tcagccgcta c		11
<210> 1363 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1363 taataaacag g		11
<210> 1364 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1364		11
<210> 1365 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1365 gcacctattg a		. 11
<210> 1366 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	· .
<400> 1366 gaaaaggtta t		11 .
<210> 1367 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1367 aaaacattat g		11;
<210> 1368 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	S Sapiens	
<400> 1368 agaataaaat a		11

WO 200	4/059001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DN		
<400> 13 aatgtccagt		11
<210> 13 <211> 11 <212> DN <213> Ho		
<400> 13 ttatgttgaa		11
<210> 13 <211> 11 <212> DN <213> Ho		
<400> 13 ctggtgagtg		11
<210> 13 <211> 11 <212> DN <213> Hor		
<400> 13 agtaaaccat		11
<210> 13 <211> 11 <212> DNZ <213> Hor		,
<400> 13		11 .
<210> 13' <211> 11 <212> DN <213> Hor		
<400> 13		11
<210> 13' <211> 11 <212> DNZ <213> Hor		
<400> 13 tctgcaagaa		
<210> 137 <211> 11 <212> DNZ <213> Hon		· .
<400> 137 aaaactgcac		 11

<400>

1384

WO 2004/059001

PCT/EP2003/014068

<210> 1377 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1377 gtgtgcttag a 11 <210> 1378 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1378 11 tggccaataa a 1379 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1379 gcctgtttgt a 11 <210> 1380 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1380 tgtaagttac t 11 <210> 1381 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1381 ttgttatatt g 11 <210> 1382 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1382 tattaaatag c 11 <210> 1383 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens 1383 <400> ctgccctccc a 11 <210> 1384 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
ttaaacttaa a	11
<210> 1385 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1385 gggcctaaac c	11
<210> 1386 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1386 aattaactcc g	11
<210> 1387 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1387 tgcactgaat g	11
<210> 1388 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1388 caaaccatcc g	11
<210> 1389 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1389 ctgaggggtg a	11
<210> 1390 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1390 tggtgatatt a	11
<210> 1391 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1391 atgatggaaa a	11
<210> 1392 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	

<400> 139		11
<210> 139 <211> 11 <212> DNZ		
	no Sapiens	
<400> 139 atttgagagt		11
<210> 139 <211> 11 <212> DNZ <213> Hor	•	
<400> 139		11
<210> 139 <211> 11 <212> DNZ <213> Hon		
<400> 139	95	11
<210> 139 <211> 11 <212> DNA <213> Hon	•	
<400> 139		11
<210> 139 <211> 11 <212> DNF <213> Hom		
<400> 139	77	11
<210> 139 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 139		11
<210> 139 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 139	9	11
<210> 140 <211> 11 <212> DNA		
<213> Hom	o Sapiens	

WO 2004/059001	PC	Г/ЕР2003/014068
	•	
<400> 1400 taaaaaaaaa g		11
<210> 1401		
<211> 11 <212> DNA	A B	
<213> Homo Sapiens		
<400> 1401 gatagaggga c		11
<210> 1402		
<211> 11 <212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 1402		
gtggccccgg c		11
<210> 1403 <211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 1403 ggtagctgct c		11
<210> 1404		11
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 1404		
actatttcca c		11
<210> 1405		
<211> 11 <212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 1405	·	
tatgaaaaca t		11
<210> 1406 <211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 1406 gttctaaatg g		
-	•	11
<210> 1407 <211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 1407 tttacaaaga g		11
<210> 1408		_
<211> 11 <212> DNA		
ZZZZZ DIMI	•	

1102	2004/03/001			101	E1 2005/014000	
<213> H	lomo Sapiens					
	.408					
atgaaaaga					11	
	409		_			
	.1		-			
	NA					
	lomo Sapiens					
	1409				1.1	
ttttggggg	yc t				11	
	L410					
<211> · 1					*	
	DNA Homo Sapiens					
	1410			,	11	
tttgttaaa	aa C			•		
	1411					
	11					
	ONA Homo Sapiens					
	_					
	1411				11	
aattcaatt	ta a				TT	4
	1412					
	11					
	DNA					
	Homo Sapiens					
	1412				1.1	
cagtttgta	ac a				11	
	1413					
	11					
	DNA Homo Sapiens					
(213)						
	1413					
tcctgaaa	ta a				11	
<210>	1414					
	11					
	DNA	•				
<213>	Homo Sapiens					
	1414	•				
gttgaaac	tc a				11	
	1415					
	11				•	* *
	DNA Homo Sapiens					
	1415				11	
tttatttc	ta C				11	
	1416					
<211>	11					

WO 2004	4/059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Hon	A no Sapiens	
<400> 141 ttgttattgc		11
<210> 141 <211> 11 <212> DNF <213> Hon		
<400> 141 ccaataaagt		. 11
<210> 141 <211> 11 <212> DNF <213> Hom	•	
<400> 141 ttctctcaac		11
<210> 141 <211> 11 <212> DNF <213> Hom		
<400> 141 gggccagggg		11
<210> 142 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 142		. 11
<210> 142 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	•	
<400> 142 tactaataaa		11
<210> 142 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 142 cttctgtgta		11
<210> 142 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 142 actatcctga		11
<210> 142	4 181/407	

W	O 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<211> <212>	11 DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400> atttca	1424 gaag a	
<210> <211>	1425 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1425	
ccggaa	tgtg g	11
<210> <211>	1426 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1426	
gtacgto	etgg c	11
<210> <211>	1427 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	1427	
tattttc	ctt t	. 11
<210> <211>	1428 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400> aatactt	1428 ttg t	
<210>	1429	
<211> <212>	11 DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400> cctgtcc	1429 agt c	
<210>	1430	. 11
<211>	11	
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400>	1430	
caattgt		
<210>	1431	
<211>	11	
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400>	1431	
cctcagta		11
		_ -

WO 200	04/059001		PCT/EP2003/014068
<210> 14	32		
<211> 11			
<212> DŅ			
	mo Sapiens		
(210) 110	mo baprono		
<400> 14	32	4	
aaaatatttt			. 11
	~		
<210> 14	33		
<211> 11			
<212> DN		•	
<213> Ho	mo Sapiens		
•	_		
<400> 14	33		
aaaaaaaaa	ιt		11 .
	•		
	134		
<211> 11			
<212> DN			
<213> Ho	omo Sapiens		
	12.4		
	134		11
tgcttgaagg	j a		11
<210> 14	135	•	
<211> 14			
<211> 11 <212> DN			
	omo Sapiens		
\Z15> IIC	Mo papiens		
<400> 14	135		
agaatttgca			11
, ,	•		
<210> 14	136		
<211> 11		•	
	AV		
<213> Ho	omo Sapiens		
		•	
	136		11
gataggtcgg	g g		TT .
Z210\ 1.	127		
<210> 14 <211> 13	437 1		
	NA ·		
	omo Sapiens		
12107 III	omo oupiciio		
<400> 14	437		
cctttgtaa			11
	-		
<210> 1	438		
<211> 1			-
	NA		
<213> H	omo Sapiens		
<400> 1	438		
aatatttca	a a		11
	439		
<211> 1			
	NA		
<213> H	omo Sapiens		
24005 1	130		
	439		11
agtgagggg	a y	193/407	T.T.

<400>

1447

WO 2004/059001

PCT/EP2003/014068

<210> 1440 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1440 aagaacgtag c 11 <210> 1441 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1441 ttttaaatta g 11 <210> 1442 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1442 ggtagcccac g 11 <210> 1443 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1443 gatcaatgga t 11 <210> 1444 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1444 gatgcgcttg t 11 <210> 1445 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1445 gggcccttcc t 11 <210> 1446 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1446 aggtccctgt c 11 <210> 1447 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens

W O 2004/0	J59001		PC1/EP2003/014008
cccattcctc g	I		11
<210> 1448	· ·		•
<211> 11		•	
<212> DNA			•
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1448	}		
tacactgctt t			11
			11
<210> 1449) .		
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1449		•	
agcaaactga a			11
			11
<210> 1450	l		
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1450			
gaatttgtgt a			11
gaaceegege a	•		11
<210> 1451			
<211> 11		•	
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1451			
gtttgataaa t			11
			11
<210> 1452			
<211> 11			
<212> DNA	_		
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1452		•	
atggagactt c			11
			11
<210> 1453	•		
<211> 11			
<212> DNA		•	
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1453			
ctctagaacc t			
			11
<210> 1454			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1454			•
tgcaccttgg g			4.4
- 3 - 2 - 2 - 2 - 3 - 3			11
<210> 1455			
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		

W O 2004/03/001	1 C 1/E1 2003/014000
<400> 1455 tgaggacaca g	11
<210> 1456 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1456 gggctcacct g	11
<210> 1457 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1457 cctgcagtcc c	11
<210> 1458 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1458 tagaattttc a	. 11
<210> 1459 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1459 cctggagtgg t	11
<210> 1460 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1460 tgtattacag t	11
<210> 1461 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1461 gtgatggcca c	11
<210> 1462 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1462 ggaggaattc a	11
<210> 1463 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	

W O 2004/0	059001	PC 1/EP2003/014008
<400> 1463 tgacacccac a		11
<210> 1464 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,
<400> 1464 ggaagagaag g		. 11
<210> 1465 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1465 ggtgactctt a		11
<210> 1466 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1466 ttccgtttct a		
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1467 gagaattaat c		. 11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1468 cataaagttt a		11
<210> 1469 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1469 gaactagaag a		11
<210> 1470 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1470 gacaatgaga a		11
<210> 1471 <211> 11 <212> DNA		

W O 2004	K(023001	PC 1/EP20	JU 3 /U14U08
<213> Hom	no Sapiens		
<400> 147			
agtgtaatgg			11
<210> 147 <211> 11	• •		
<212> DNA <213> Hom	A no Sapiens		
<400> 147			
gctacaggta			11
<210> 147 <211> 11			
<212> DNA <213> Hom	A No Sapiens		•
<400> 147			
ttacactaat	a .		11 -
<210> 147 211 11	4		
<212> DNA	no Sapiens		
<400> 147			
gatggctgcc			11
<210> 147 1	5 .		
<212> DNA		r	
	o Sapiens	a	
<400> 147 tggagagtcg			11
<210> 147 <211> 11	6		
<212> DNA			
	o Sapiens		
<400> 147 ccgaggctgc			11
<210> 147 <211> 11	7		
<212> DNA	o Sapiens		
<400> 147	-		
acctgtaatt			11
<210> 1478 <211> 11	8		
<212> DNA	o Sapiens		,
<400> 1478			
aaaacttaga			11
<210> 1479 <211> 11	9	•	

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1479 cctcactttc t	11
<210> 1480 <211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens <400> 1480	
gttggcctgg t	11
<210> 1481 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1481 tatgaccaca a	11
<210> 1482 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1482 agacttggca t	11
<210> 1483 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1483 gaaactgaag t	11
<210> 1484 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1484 cagcctgtcg g	11
<210> 1485 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1485 tttctgctcc t	11
<210> 1486 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1486 gtttatggat a	11
<210> 1487	

W U 2004/0	059001		PC 1/EP2003/014008
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•	
<400> 1487 agcaagtctc t			11
<210> 1488 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1488 aagcactgtt t			11
<210> 1489 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		· .
<400> 1489 tgggaacata a			11
<210> 1490 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1490 atgatttatt a			. 11
<210> 1491 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1491 ccaaatgctg g		•	11
<210> 1492 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	•		
<400> 1492 ttttatgggt a			11
<210> 1493 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1493 gcaatgcaaa a			. 11
<210> 1494 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1494 aggagcaaag g			11

WO 2004/05	9001		PCT/E	P2003/014068
<210> 1495 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	apiens			
<400> 1495 gaggcctcag c		2		11
<210> 1496 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	apiens			
<400> 1496 tcctttccaa c				11
<210> 1497 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1497 gctctgtaag c				11
<210> 1498 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			·
<400> 1498 gagaaatata t				11
<210> 1499 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1499 agcagaggct a				11
<210> 1500 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1500 tggggaaatc a		-		11
<210> 1501 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1501 cattaaattc a	• • • • • •		**	11
<210> 1502 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1502 ggggctgtat t		191/407		11

0					101,2120	00,011000
						*
<210>	1500					
<211>	1503 11					
<212>	DNA					
<213>		Sapiens				
\213 /	пошо	saprens				
<400>	1503					
tatatca						
cacacoa	geg e					11
<210>	1504					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	1504					
cttttgg	ctg c			•		11
<210>	1505					
<211>	11					
<212> <213>	DNA	G!				
\213 /	HOIIIO	Sapiens				
<400>	1505					
tgctctga						11
-55						11
<210>	1506					
<211>	11				•	
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	1506					
ggaaaata	act g				ς.	11
<210>	1507					
<211>	11					
<212>	DNA		*			
<213>		Sapiens				
		- up - unio				
<400>	1507		*			
aaagcgta	aaa g					11
<210>	1508				*	
<211>	11					
<212> <213>	DNA	C				
\Z137	TOIIIO	Sapiens				
<400>	1508				7	
agggcaac						11
333						11
<210>	1509					
<211>	11					
	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
. 4400.			· ·)
	1509					
ttaagaaa	itg c					11
<210>	1510					
<211>	11					
	DNA					
		Sapiens				
<400>	1510					

WO 2004/03	59001	PCT/EP2003/014068
aaggtcttta a		11
<210> 1511 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1511 tcacaaaaga g		11
<210> 1512 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1512 atacaactaa t		11
<210> 1513 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1513 gaataaaata g		11
<210> 1514 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1514 gttgtaaaat a		11
<210> 1515 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1515 tttacagctg g		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1516 gtagcaaaaa a		11
<210> 1517 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1517 tttggagcat t		
<210> 1518 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	

WO 2004/	057001	1 C 1/E1 2003/014000
<400> 1518 ggccagtgtt g		11
<210> 1519 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1519 tgccctcagg c		. 11
<210> 1520 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1520 gacattgctg c		11
<210> 1521 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1521 gacttttaaa t		11
<210> 1522 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1522 gagaaagagg c		11
<210> 1523 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1523 ccgaagtcga g		11
<210> 1524 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1524 ttgtcgatgg g		11
<210> 1525 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<400> 1525 gtgcttataa a		11
<210> 1526 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
.400		
<400> 1526 tcagaagttc c		11
<210> 1527		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1527		
acacttttt g		11
<210> 1528		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Contan	
<213> HOMO	Sapiens	•
<400> 1528 taatgacaat a		
taatgacaat a		11
<210> 1529		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1529		
tgtgaataaa g		11
<210> 1530		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1530		
gaagacgaat t		. 11
<210> 1531		
<210> 1331 <211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1531		
agtatgtatg t		11
<210> 1532		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1532		
gttgtctttg a		11
<210> 1533		
<211> 11		
<212> DNA	Caniona	
	Sapiens	
<400> 1533		
tacaggtttt t		11
<210> 1534		
<211> 11 <212> DNA		
ZIZZ DIM	105/407	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo S	Sapiens	
<400> 1534 gggccccctg g		11
<210> 1535 <211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1535 ccacagtaga t		11
<210> 1536 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1536 atgggtttgc a		11
<210> 1537 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1537 taaaacttgt g		11
<210> 1538 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1538 cctggagggg c		11
<210> 1539 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1539 atggcggcga t		11
	Sapiens	
<400> 1540 ttgctgtaga c		11
<210> 1541 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1541 tcaaattaaa a		11
<210> 1542 <211> 11	196/407	

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1542 ctgggttgtg a		11
<210> 1543 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1543 tgaatggcct a		11
<210> 1544 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1544 aaccagaggt g		. 11
<210> 1545 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1545 ttgaattgaa c		11
<210> 1546 <211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1546 tgcacgacta t		11
<210> 1547 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1547 gaatcgaagt g		11
<210> 1548 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1548 tgtgtgtgac a		11
<210> 1549 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	- - - ·
<400> 1549 ctagaagtac a		11
<210> 1550		

WO 2004/0	059001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	O Sapiens	
<400> 1550 aggatatcca		11
<210> 1553 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
atgtttaatt t	-	11
<210> 1552 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1552 ctcagcaaac t		11
<210> 1553 <211> 11 <212> DNA	3	
<213> Homo	Sapiens	
tttacctgcc c		11
<211> 11 <212> DNA	o Sapiens	
<400> 1554		11
<210> 1555 <211> 11	•	11
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1555 acagtettge c		11
<210> 1556 <211> 11 <212> DNA		·
<213> Homo <400> 1556	Sapiens	•
cagaggaagg a	- · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	11 .
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1557 tctggtaaaa a		11

PCT/EP2003/014068

W U 2004/0	59001		PC1/EP2003/014008
<210> 1558 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1558 getgeetgee t			11
<210> 1559 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1559 gatttaaaaa a			11
<210> 1560 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1560 tcctgtagcc a			11
<210> 1561 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1561 ttttggatgt a			11
<210> 1562 <211> 11 <212> DNA			•
	Sapiens		
gaataatctt a			11
<210> 1563 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 1563	Sapiens		
ttattttgaa g <210> 1564			11
<211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 1564	Sapiens		
aagacagagc a			11
<210> 1565 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1565 cattgcagga t		100/407	.11

199/407

<400>

1573

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 <210> 1566 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1566 gccacgttgt c 11 <210> 1567 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1567 taccacacta c 11 <210> 1568 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1568 gccggcccgg c 11 <210> 1569 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1569 ctgaaaattc c 11 <210> 1570 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1570 atactgctgc t 11 <210> 1571 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1571 tttctgcact t , 11 <210> 1572 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1572 gtttgcggag g 11 <210> 1573 <211> 11 <212> . DNA <213> Homo Sapiens

***	U 2004/0	37001			1 C 1/E1 20	03/014000
tggaag	ctag g					11
<210>	1574					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens		-		
<400>	1574					
accaaa						11
401.05						
<210> <211>	1575 11					
<212>	DNA					
<213>		Sapiens				
<400>	1575					
gaggca						11
			•			11
<210>	1576					
<211> <212>	11 DNA					
<213>		Sapiens				
<400>	1576					
gcgatg	gggg a					11
<210>	1577					
<211>	11	*				
<212> <213>	DNA	Sapiens				
(213)	Homo	Daprens				
<400>	1577					
gaatga	aata a		·			11
<210>	1578					
<211>	11				4	
<212>	DNA	a .				
<213>	HOMO	Sapiens	*			
<400>	1578					
cttcta	tgta g					-11
<210>	1579					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	1579					
gaagaa						11
						11
<210> <211>	1580 11					
<211>	DNA					
<213>		Sapiens				
2100						
<400>	1580					
gggagga	ayyy t					11
<210>	1581					
<211>	11					
<212> <213>	DNA	Sapiens				
16T7/	HOIIIO	Paprella				

			,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,		101/212000/011000
	<400>	1581			
	ccaagat				11
	<210>	1582			
	<211>	11			
	<212>	DNA			
	<213>	Homo	Sapiens		
	<400>	1582			
	ccctcac		-		11
					11
	<210>	1583			
	<211> <212>	11 DNA	•		
	<213>		Sapiens		
			- up		
,	<400>	1583			
	agataat	gtt a	·		11
	<210>	1584			
	<211>	11			
	<212>	DNA			
	<213>	Homo	Sapiens		
	<400>	1584			
	ttcagga				11
	.010	4-0-			
	<210> <211>	1585 11			
	<212>	DNA			
	<213>		Sapiens		
	<400>	1505			
	gcacaate	1585			1.1
		999 ¤			11
	<210>	1586			
	<211> <212>	11 DNA	,		
	<213>		Sapiens		
	<400>	1586			
	gatggag	ccc t			11
	<210>	1587			
	<211>	11			
	<212>	DNA			
	<213>	Homo	Sapiens		
	<400>	1587			
	cccttcta	att a			11
	<210>	1588			
	<211>	11			
	<212>	DNA			
	<213>	Homo	Sapiens		
	<400>	1588			
	cgtttaat				11
	Z210:	1500			
	<210> <211>	1589 11			
	<212>	DNA			
	<213>		Sapiens		
				202/407	

<400> catagtt	1589 tta g						
	tta u						
	9					11	
<210>	1590						
<211>	11				*		
	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	1590						
_	,					11	
		Cantona					
(213)	HOMO	Saprens					
<400>	1591		4		•		i
acttgcg	aat a					11	
4010×	1500				•		
					,		
		Sapiens					
					·		
tgaattc	tac c					11	
<210>	1593						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<100>	1502						
						11	
					e e		
		Cantana					
\Z_13/	полю	Saprens					
<400>		,					
tttgtata	aga a					11	
20105	1505						
<213>		Sapiens					
		•					
ccatctgt	-ya a					11	
<210>	1596						
<211>	11						
	DNA				e e e e e e e e e e e e e e e e e e e		
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	1596						
						4.4	
						11	
<210>	1597						
\ 212>	DINA						
	<212><213> 0 tgcccag 10 tgcccag 10 11 10 11 10 11 10 11 10 11 10 11 10 11 10 11 10 11 10 						

11 0 2001	7037001	1 C 1/E1 2003/014000
.010		
<213> Home	o Sapiens	
<400> 159	7	
cacagggcca	=	11
<210> 1598	3	
<211> 11	•	
<212> DNA		
<213> Home	Sapiens	
<400> 159	3	
tttgtgttgt a		11
<210> 159	9	
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Home	o Sapiens	
<400> 1599		
aacattctaa (11
<210> 1600		
<211> 11	•	
<212> DNA		
<213> Homo	o Sapiens	
<400> 1600		
caaggtgaaa (J.	11 .
<210> 160	L	
<211> 11		
<212> DNA	•	
<213> Homo	Sapiens	•
<400> 1603		
aatcgctaat a	ı	11
<210> 1602		
<211> 11	•	
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1602		
tggtgagacc d		11
	•	11
<210> 1603	3	
<211> 11		
<212> DNA	Q	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1603		
agcctcaaaa d		. 11
		11
<210> 1604		
<211> 11		
<212> DNA	Sant an-	
<213> Homo	Sapiens	•
<400> 1604		
gttccagccg g		11
<210> 1605		
<211> 11		

W U 2004/0	029001	PC1/EP2003/014008
<212> DNA		
	Sapiens	
	•	
<400> 1605		
cttgtaacag a		11
2010> 1606		
<210> 1606 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1606		
aatacacaga g		11
<210> 1607		
<210> 1607 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	•
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
<400> 1607		
gagaggaaac t		11
<210> 1608		
<211> 1008		
<212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1608		
tcagatagga c		11
<210> 1609		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1609		•
ataaacagat g		. 11
		. 11
<210> 1610		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	·
<400> 1610		
tgatggctcc t		11
<210> 1611		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
(213) Homo	Dapiens	
<400> 1611		
cacaaagcag t		11
· 20105 · 11010		
<210> 1612 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	•	
<400> 1612		
ttaggcaagt a		11
<210> 1613		
Z10> 1013	A0.7/40.7	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1613 cttggttctc c		11
<210> 1614 <211> 11 <212> DNA		
· <213> Homo	Sapiens	
<400> 1614 gaagaacaga g		11
<210> 1615 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1615 ctgtattaaa a		11
<210> 1616 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
tgagcaagcc c <210> 1617		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1617 gaaaaatcaa a		. 11
<210> 1618 <211> 11		
<212> DNA	Sapiens	
<400> 1618 gtttttttta a		11
<210> 1619 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1619 accttgctgg g		. 11
<210> 1620 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 1620 tttattttga g	Sapiens	
acceega g		11

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<210> 1621 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1621	L	11
<210> 1622 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1622 gattgatgtc t	2	11.
<210> 1623 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1623 ggagtcctag c		11
<210> 1624 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1624 gagcataata a		11
<210> 1625 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1625 acataataaa g <210> 1626		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1626 tatttttcta g <210> 1627		. 11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1627 gactaatttg t <210> 1628		11 · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1628 gatgaatgag t	207/407	11

<400> 1636

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<210> 1629		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1629		
gttttagtga a		11
<210> 1630		
<211> 1030		
<212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1630		
tgacagagtg g		11
		11
<210> 1631		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	Captons	
<400> 1631		
ggagtaataa t		11
<210> 1632		•
<211> 11	•	
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	,
<400> 1632		
taaccaaata c		11
<210> 1633		
<211> 1033		
<212> DNA		•
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1633		
tgatgagtgc t		11
		**
<210> 1634 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	<u>-</u>	
<400> 1634		
tgtgggtcac t		11 .
<210> 1635		
<211> 11	•	
<212> DNA	Caniona	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1635		
taacaaagaa c		11 .
<210> 1636		
<211> 1030		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	

***	2004/C	35001			1,	C 1/E1 2005/0140	00
ggctcac	ttt a		•			11	
<210>	1637						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	1637						
tatttat	tga c					11	
<210>	1638						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	1638						
ggagaga						11	
<01.0×	1.620				•		
<210> <211>	1639 11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	1639						
tttgata						11	
40105	1.640						
<210> <211>	1640 11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	1640						
tgaacac						11	
<010×	1 (/ 1						
<210> <211>	1641 11				4		
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens			ř		
<400>	1641						
gtccttt						11	
<210> <211>	1642 11						
<212>	DNA						•
<213>		Sapiens					
<400>	1642						
tgtaata						11	
						11	
<210> <211>	1643 11						
<211>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	1643					•	
catcctga						11	
						тт	
<210>	1644						
<211> <212>	11 DNA						
<213>		Sapiens					

WO 2004/03	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 1644 tgcttgtggt t		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1645 taacaggaaa t		11
<210> 1646 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1646 gttttgtaca g		11
<210> 1647 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1647 attatattca a		11
<210> 1648 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1648 aacacagtgc c		11
<210> 1649 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1649 caaacatccg t		11
<210> 1650 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1650 gatgacttgc a		. 11
<210> 1651 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1651 agcaaaaaaa a		. 11
<210> 1652 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

11 O 2004/0	3,7001		1 C 1/E1 2003/014000
<400> 1652 ctcaataaat a			11
<210> 1653 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens	. · ·	
<400> 1653 cagatttcca a			11
<210> 1654 <211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1654 gaggtgtttg c			11
<210> 1655 <211> 11	•		
	Sapiens		
<400> 1655 ctaaaatgct t			11
<210> 1656 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1656 gcacaagttc t			11
<210> 1657 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1657 tgtatacaag g			. 11
<210> 1658 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1658 gcaataatgg t			11
<210> 1659 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1659 attetetgag g		·	11
<210> 1660 <211> 11 <212> DNA			

WO 2004 /0	959001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1660 taaggacgag a		11
<210> 1661 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
taaaaagcag g		11
<210> 1662 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1662 cgctggttcc c		11
<210> 1663 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1663		. 11
<210> 1664 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1664		11
<210> 1665 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 1665	Sapiens	
tcagtgcgca g		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1666 gcctgctccc t		11
<210> 1667 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	**
<400> 1667 cattttccc c		11
<210> 1668 <211> 11		

W O 2004/0	359001	PC1/EP2003/014008
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1668 tgataattta o		. 11
<210> 1669 <211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens	
<400> 1669 gaatcctgca	9	11
<210> 1670 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1670 tcatctacaa a		11
<210> 1671 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1671 tgttctttgc a		11
<210> 1672 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1672 cggacaatca t		. 11
<210> 1673 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1673 ctgctgggca g		11
<210> 1674 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1674 aaaaaaaaga a		11
<210> 1675 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1675 cctgtaaagc c		11
<210> 1676	212/407	- <u>-</u>

WO 2004/0	337001	1 C 1/E1 2005/014000
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1676 gcccctgaag g		. 11
<210> 1677 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1677 cccaaggtct t		11
<210> 1678 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1678 acttgatttg a		11
<210> 1679 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1679 aaagccagct c		11
<210> 1680 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1680 atgaaattaa t		11
<210> 1681 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1681 tttgctgccc a		11
<210> 1682 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1682 gtcatatttc c		. 11
<210> 1683 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1683 aattccaact c		11

WO 2004/0)59001			PCT/EP2003/014068
<210> 1684 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1684 ctgtgtaaag c				11
<210> 1685 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1685 agctcccaga t				11
<210> 1686 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	٠,		
<400> 1686 gaaggteetg t				11
<210> 1687 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1687 ctgaaaaaaa a				11
<210> 1688 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1688 tggáaagagc c	٨			11
<212> DNA	Sapiens			
<400> 1689 ttcagcgttc t				11
<210> 1690 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1690 tgggāagāgg g				
<210> 1691 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1691 gcaattgaca g		215	/407	11

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
•	

<210> <211> <212> <213>	1692 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> ctataaa	1692 actg c						11	
<210> <211> <212> <213>	1693 11 DNA Homo	Sapiens				·		
<400> aaaagaa	1693 agtt c						11	
<210> <211> <212> <213>	1694 11 DNA Homo	Sapiens			. '			
<400> tgaaaac	1694 tac t						11	
<210> <211> <212> <213>	1695 11 DNA Homo	Sapiens	· ·	,			,	
<400> cacaaaa	1695 itaa a						11	
<210> <211> <212> <213>	1696 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> tcatttc	1696 aga a						11	
<210> <211> <212> <213>	1697 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> ctattca	1697 ctg t						11	
<210> <211> <212> <213>	1698 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> tgaagca	1698 gta t					*	11	
<210> <211> <212> <213>	1699 11 DNA Homo	Sapiens						•
<400>	1699							

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
atgatgcctc t		11
<210> 1700 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1700 ggtttggaag a		11
<210> 1701 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1701 tgtctggatg a		11
<210> 1702 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1702 gccttggtaa a		11
<210> 1703 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1703 acatttccaa c		.· 11
<210> 1704 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1704 ggtgagggag g		. 11
<210> 1705 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1705 acaagtactg t		. 11
<210> 1706 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1706 ttgtaagagg g		. 11
<210> 1707 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

VV O 2004/0	37001			1 (1/2)	2005/014000
<400> 1707 cacacccatt a					11
<210> 1708 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1708 taaactgtga g					11 .
<210> 1709 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1709 tgaaatactg a				•	11
<210> 1710 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1710 gttaaatcct g					11
<210> 1711 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1711 gactcgctcc a					11
<210> 1712 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1712 gacagtcact c		· .			11
<210> 1713 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1713 taaagccttt a			÷		11
<210> 1714 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1714 gactaaaaaa a					11
<210> 1715 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
			40=		

<400> 1715 gggccaggaa a				11
<210> 1716				
<211> 1716				
<212> DNA	*			
<213> Homo	Sapiens			
<400> 1716				
ctgaatctaa a				11
<210> 1717				
<211> 11 <212> DNA				
	Sapiens			
		•		
<400> 1717		•		
gattctagcc t				11
<210> 1718			,	
<211> 11				
<212> DNA				
<213> Homo	Sapiens			
<400> 1718				
taaatgtaca a				11
Z210\ 1710			•	
<210> 1719 <211> 11				
<212> DNA				
<213> Homo	Sapiens			
<400> 1719				
ttcaataaaa g				11
<210> 1720 <211> 11				
<2112 11				
1				
<212> DNA	Sapiens			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<212> DNA <213> Homo <400> 1720	_	.*		
<212> DNA <213> Homo	_			11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720				11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11				11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA				11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA				11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA				11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c	Sapiens			
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722	Sapiens			
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA	Sapiens			
<pre><212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA</pre>	Sapiens			
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <1721 Atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Homo <100 Ho	Sapiens			
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1722	Sapiens Sapiens			11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1722 ttttagtgtc a	Sapiens Sapiens			
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1722 ttttagtgtc a <210> 1723	Sapiens Sapiens			11
<212> DNA <213> Homo <400> 1720 tttctaattg a <210> 1721 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1721 atgcgcaagg c <210> 1722 <211> 11 <212> DNA <213> Homo <400> 1722 ttttagtgtc a	Sapiens Sapiens			11

WC	2004/0)59001				PCT/E	P2003/014068	
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	1723							
tgttctc	caag t	:					11	
<210>	1724	ļ						* * *
<211> <212>	11 DNA							
<213>		Sapiens		1 1				
<400>	1724							
tcaacct							11	
<210>	1725	i	•					
<211>	11							
<212>	DNA	a	-					
<213>		Sapiens						
<400> tatttgc	1725 tac a						11	
<210>	1726		•					
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	1726							
gagcctt	ggg t				•		11	
<210>	1727							
<211>	11							
<212> <213>	DNA	Ganada						
		Sapiens		*				
<400>	1727				•			
acttttt							11	
<210>	1728							
<211> <212>	11 DNA							
<213>		Sapiens						
<400>	1728							
gccgctg							11	
<210>	1729							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	1729							
gaaataa	aaa g						11	
<210>	1730							
<211>			•					
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens						
-210/	1101110	achtelis						
<400>	1730							
gttctgt	gca g						11	
<210>	1731							
<211>	11		•					

W	2004/059001	PCT/EP2003/014068
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400> aggccag	1731 tat a	11
<210> <211> <212> <213>	1732 11 DNA Homo Sapiens	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<400> cttctct	1732 tga g	11
<210> <211> <212> <213>	1733 11 DNA Homo Sapiens	
<400> caaata	1733 matg t	. 11
<210> <211> <212> <213>	1734 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gaataa	1734	11 .
<210> <211> <212> <213>	1735 11 DNA Homo Sapiens	
<400> tgtggc	1735 ccac c	11
<210> <211> <212> <213>	1736 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gagcac	1736 tgtt t	11
<210> <211> <212> <213>	1737 11 DNA Homo Sapiens	
<400> atatga	1737 agca t	11
<210> <211> <212> <213>	1738 11 DNA Homo Sapiens	
<400>	1738 aaaa a	. 11
<210>	1739	

WO 2004/0	59001			PCT/EP2003/014068	
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1739 taataaatgt t		,		11	
<210> 1740 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1740 atttaatcca				11	
<210> 1743 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1741 ggatagacca d				11	
<210> 1742 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1742 tcacttgctg t				11	
<210> 1743 <211> 11 <212> DNA					
<213> Homo <400> 1743 taacctcagg t	Sapiens			11	
<210> 1744 <211> 11 <212> DNA	Sapiens				
<400> 1744	ospiono.			11	
<210> 1745 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		-		
<400> 1745 ggatgggtgt g				11	
<210> 1746 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 1746 tgacgacgac t				11	

WO 2004/ 0	059001		PCT/EP2003/014068
<210> 174 <211> 11 <212> DNA <213> Home			
<400> 174 gcgagaatcc a			11
<210> 1748 <211> 11 <212> DNA <213> Homo			
<400> 1748 aactctaagg			11
<210> 1749 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens		
<400> 1749)		11
<210> 1750 <211> 11 <212> DNA <213> Homo) Sapiens		
<400> 1750 tagaaggtgg a			11
<210> 1751 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1751 cttagtctaa a			11
<210> 1752 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1752 gaccctgaaa a			11
<210> 1753 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1753 gaaaaggaca g			11
<210> 1754 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1754 ttgatgttga c		2227107	, 11

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	1755 11 DNA Homo	Sapiens								
<400> atgtgtt	1755 tca c:							11		
<210> <211> <212> <213>	1756 11 DNA Homo	Sapiens								*
<400> gcggcca	1756 tcc c							11		
<210> <211> <212> <213>	1757 11 DNA Homo	Sapiens	·							
<400> ttgtaaa	1757 aaa t							11		
<210> <211> <212> <213>	1758 11 DNA Homo	Sapiens								
<400> gaaaaag	1758 gatg t							11		
<210> <211> <212> <213>	1759 11 DNA Homo	Sapiens								
<400> gagcagg	1759 gagt g							11	· ·	
<210> <211> <212> <213>	1760 11 DNA	Sapiens								
<400> tactgtt	1760	04910110						11		
<210> <211> <212> <213>	1761 11 DNA Homo	Sapiens								
<400> gaaatgg	1761	:			• .		-	11		*.
<210> <211> <212> <213>	1762 11 DNA Homo	Sapiens								
<400>	1762			2	24/407					

	W O 2004/0.	37001		1 C 1/E1 200	5/014000
	aacccgtgtt t				11
	<210> 1763				
	<211> 11				
	<212> DNA				
	<213> Homo	Sapiens			
	<400> 1763				
	tttttactca a				11
	<210> 1764				
	<210> 1764 <211> 11				
	<212> DNA				
	<213> Homo	Sapiens			
	<400> 1764				
	ggcttaggat g				11
			•		11
	<210> 1765				
	<211> 11 <212> DNA	•			,
		Sapiens			
	<400> 1765				
	aaactagttg c				11
	<210> 1766				
	<211> 11				
	<212> DNA <213> Homo	Sapiens			
	10110	Saprens			
	<400> 1766				
	tagtctggag t				11
	<210> 1767				
	<211> 11				
	<212> DNA				
	<213> Homo	Sapiens			
	<400> 1767				
	ctactgaaaa a				11
	,	•			
	<210> 1768 <211> 11				
,	<212> DNA				
		Sapiens			
	<400> 1768				
	tgtattttcc t	•			11
					11
	<210> 1769				
	<211> 11 <212> DNA				
		Sapiens			
		. •.	•		. *
	<400> 1769				
	tagcaattgc a				11
	<210> 1770				
	<211> 11				
	<212> DNA	0 nm l n== =			
	<213> Homo	Sapiens			

WO 2004/05	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 1770 ctgtttgttc a		11
<210> 1771 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1771 cagagaatat a		11
<210> 1772 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1772 ctgtaacata t		. 11
<210> 1773 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1773 aagctgcttt t		. 11
<210> 1774 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1774 tgatacatac a		. 11
<210> 1775 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1775 ttcccaacta t		11
<210> 1776 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1776 gacaatgtat g		11
<210> 1777 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1777 atcctactgt t		11
<210> 1778 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

<400>	1778	2				
agacta						11
<210>	1779	1				
<211>	11	,				
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens			<i>t.</i>	
<400>	1779	9				
tggtaa						11
4010b	4.00					
<210> <211>	1780 11)				
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens		•		
<400>	1780	1	-			
gaggca						11
						11
<210> <211>	1781 11	•			•	
<212>	DNA					
<213>		Sapiens				
<400>	1701					
gaaaga	1781 aata a					
y y		•				11
<210>	1782					
<211> <212>	11 DNA	7				
<213>		Sapiens			•	
44005						
<400> aaacaa	1782 Gaaa C					
	gaaa c					11
<210>	1783					
<211> <212>	11 DNA					
<213>		Sapiens				
<400> gattgga	1783 actt a					
gaccgg	accc g					11
<210>	1784					
<211> <212>	11					
<213>	DNA Homo	Sapiens				
		Capitonio				
<400>	1784					
tgaagto	jtat a					11
<210>	1785					
<211>	11	,	•			
<212> <213>	DNA	Capiana				
. \	TIOIIIO	Sapiens				
<400>	1785					
agcccag	gag t					11
<210>	1786					
<211>	11					
<212>	DNA					

WO 2004/0	59001	PCT/EP20	03/014068
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1786			
gtgagacccc g			11
<210> 1787			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1787			
ccctgatttt a			11
			T T
<210> 1788			
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		ŗ
<400> 1788	_		
actgcagage g			11
•			11
<210> 1789			
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
(Z13) HOMO	Saprens		
<400> 1789			
aggggccggg g	4		11
<210> 1790			
<210> 1790 <211> 11			
<212> DNA			
	Sapiens	•	
	•		
<400> 1790			
atggcaccac t			11
<210> 1791			
<211> 11			
<212> DNA			-
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1791			
cctggcctaa a			11
			11
<210> 1792			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		-
	papiens		
<400> 1792 cttctgggga c			
ccccgggga c			11
<210> 1793			
<211> 11			
<212> DNA		•	
<213> Homo	Sapiens		
<400> 1793			
gcttttattc a			1.1
			11
<210> 1794			
<211> 11			

<212> <213>	DNA Homo	Sapiens			
<400> aaatatg	1794 agc t				11
<210> <211> <212> <213>	1795 11 DNA Homo	Sapiens			•
<400> cgcctat	1795 aat c				11
<210> <211> <212> <213>	1796 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> atctcac	1796 gctc a			•	11
<210> <211> <212> <213>	1797 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> atccgc	1797 ctgc t	,			11 .
<210> <211> <212> <213>	1798 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> tggttt	1798 tggc a				11
<210> <211> <212> <213>	1799 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> gtgtcg	1799 gctg t				11
<210> <211> <212> <213>	1800 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> tgatgt	1800 tcca c				11
<210> <211> <212>	1801 11 DNA		•		
<213> <400>	Homo 1801 cccc c				11
<210>	1802		229/407		

W O 2004/03	59001		PC1/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1802 ttgtccaggc t		work of	. 11
<210> 1803 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		·
<400> 1803 aatcttgcaa a	0.5.2.011.0		11
<210> 1804 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1804 gtgtcctcct c			11
<210> 1805 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1805 gtagcaggtg c			11
<210> 1806 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1806 gctgggaggg g			11
<210> 1807 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1807 attctgttgt a			11
<210> 1808 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1808 agagcaagta c			11
<210> 1809 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1809 tctctactaa a			11

WO 2004/	/059001	PCT/EP2003/014068
<210> 181 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 181 cactcgtgtg	0	11
<210> 181 <211> 11 <212> DNA <213> Home		
<400> 1813 ttcagttgct		11
<210> 181: <211> 11 <212> DNA <213> Home	·	
<400> 1812 ggctatgcca a		11
<210> 1813 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 1813		. 11
<210> 1814 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 1814		11
<210> 1815 <211> 11 <212> DNA	5	
<210> 1816 <211> 11		11
<212> DNA <213> Homo <400> 1816	Sapiens	
ctcattcagc t <210> 1817		11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1817 ctgcctcctt a		11

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068

	<210> <211> <212> <213>	1818 11 DNA Homo	Sapiens									-
	<400> aagaggti	1818	,	٠							11	
	<210> <211> <212>	1819 11 DNA					-					
•	<213>	Homo	Sapiens									
	<400> cactaca	1819 cgg g					*				11	
	<210> <211> <212> <213>	1820 11 DNA Homo	Sapiens							. ,		
	<400> aagctgg:	1820									11	
	<210> <211> <212>	1821 11 DNA								٠		
	<213> <400>	Homo 1821	Sapiens									
	actggct	gct g									11	
	<210> <211> <212>	1822 11 DNA							-			
	<213> <400>		Sapiens			,						
	tgtgtgt	ttg t									11	
	<210> <211> <212>	1823 11 DNA										
	<213> <400>	Homo 1823	Sapiens									
	gggagct	gcg c									11	
	<210> <211> <212>	1824 11 DNA										
	<213>		Sapiens			√ 9		*				•
	agcccct	gtg c									11	
	<210> <211> <212>	1825 11 DNA										
	<213> <400>		Sapiens									
	\400 2	T072			•	0/405						

W U 2004/0	059001	PC1/EP2003/014008
actgtggtcc (11
<210> 1826		
<211> 11	,	
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
4400> 400		
<400> 1826 acatcgttgt a		
acateguigu	i.	11
<210> 1827	•	
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1827	·	
agcatatctt d		1.1
		. 11
<210> 1828		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
(ZIS) HOMO	saptens	
<400> 1828		
agcctgtggt c		11
<210> 1829		
<211> 1623		
<212> DNA	•	
	Sapiens	
4400		
<400> 1829 aaaatcactt g		
addaccacci g	•	- 11
<210> 1830		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Caniona	r
<213> HOMO	Sapiens	
<400> 1830		
aggactggac t		11
	•	
<210> 1831		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1831		
aggttgccga g		11
<210> 1832		
<211> 1032		•
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1832 acttttttat g		•
accelled g		11
<210> 1833		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	

WO 2004/059	001	PCT/EP2003/014068
<400> 1833 accacaaaaa a		11
<210> 1834 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1834 agtaatcatc a		11
<210> 1835 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1835 aaactgttca a		11
<210> 1836 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1836 agaaggcggt g		11
<210> 1837 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1837 acagagtgag a		11
<210> 1838 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1838 aggctaaaag c		. 11
<210> 1839 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 1839 actgtttggc a		11
<210> 1840 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	apiens	
<400> 1840 aatattcata g		11
<210> 1841 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	apiens	

WO 2004	1/059001	PC 1/EP2003/014008
<400> 18		
<400> 18	41 g	
<210> 184 <211> 11 <212> DNA	42	11
<400> 184 agccaccata		
	•	11
<210> 184 <211> 11		
<212> DNA		
<213> Hom	no Sapiens	
<400> 184		•
aattgtagtt	a	11
<210> 184 <211> 11	4	
<212> DNA		
<213> Hom	o Sapiens	
<400> 184 aagtttttag		11
<210> 184 <211> 11	5	
<212> DNA <213> Home		
<400> 184		
acatctggct t		11
<210> 1846 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 1846 gggtcaggag a		11
<210> 1847 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	11
<400> 1847 ctttgatgcg g		11
<210> 1848 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 1848 aagactccct t		11
<210> 1849 <211> 11 <212> DNA		

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1849 caaggagatc t		11
<210> 1850 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1850 tcttgaacag c		11
<210> .1851 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	,
<400> 1851 agaatgtacg g	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	11
<210> 1852 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1852 attacaccac t		11
<210> 1853 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1853 aactataaac g		11
<210> 1854 <211> 11 <212> DNA		
	o Sapiens	
<400> 1854 gaaatctgtc c		11
<210> 1855 <211> 11 <212> DNA	5	
<213> Homo	o Sapiens	
<400> 1855 gtgaagttgc g		_ 11
<210> 1856 <211> 11		4
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1856 ggcaacatag t		11
<210> 1857 <211> 11	7	

WO 2004/	059001		PCT/EP2	2003/014068
<212> DNA <213> Hom	n Sapiens	.		
<400> 185				
ccctgggctt				11
<210> 185 <211> 11	8			
<211> 11 <212> DNA				
	o Sapiens			
<400> 185				
ggaaacccca	g			11
<210> 185	9			
<211> 11 <212> DNA				
	o Sapiens		•	
<400> 185				-
gcccttcccc	t			11
<210> 186	0			
<211> 11				
<212> DNA <213> Hom	o Sapiens			
<400> 186				
ctggctatcc				11
<210> 186	1			
<211> 11				
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens	•		
<400> 186	1			
gtgaaactcc (11
<210> 1862	2			
<211> 11	*			
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens			
	_			
<400> 1862 aacccaggag t				11 .
<210> 1863	₹			
<211> 11	,			
<212> DNA				
<213> Homo	Sapiens			
<400> 1863				
gtggctcttg c				11
<210> 1864				
<211> 11 <212> DNA				
	Sapiens			
<400> 1864	<u> </u>			
atcaaaaaaa a				11
<210> 1865	j-			

WO 2004/0	59001		PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1865 gagttaaaaa a			11
<210> 1866 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1866 cctgtagtcc a			11
<210> 1867 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1867 ggcagggtcg a			11
<210> 1868 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1868 cttgtgttat a		,	11
<210> 1869 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1869			11
<210> 1870 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1870 gacccttttg g			11
<210> 1871 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		•
<400> 1871 gatttttctg a			
<210> 1872 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 1872 gctgacggaa a			11

WO 2004/	059001		PCT/EP	2003/014068
<210> 1873				
<211> 11				
<212> DNA <213> Homo	Comica			
	Sapiens			
<400> 1873		Z = 1 =		
tcattgcact c	·			11
<210> 1874				
<211> 11				
<212> DNA		•		
<213> Homo	Sapiens			
<400> 1874				
ggcagacaca t				11
<210> 1875				
<211> 11	•		•	•
<212> DNA				
	Sapiens			
<400> 1875				
cccctggctg g				
boooleggeeg g				11
<210> 1876				
<211> 11				
<212> DNA				
<213> Homo	Sapiens			
<400> 1876		•		
aaaggaatga g		m.		11
<210> 1877				
<211> 11				
<212> DNA			,	
<213> Homo	Sapiens			
<400> 1877				
ggcaggatga t		e e		
				11
<210> 1878				
<211> 11 <212> DNA				•
	Sapiens			
(ZIS) HOMO	Saprens			
<400> 1878				
agccaccgct c				11
<210> 1879				
<210> 1879 <211> 11			•	
<211> 11 <212> DNA				
	Sapiens			
<400> 1879				
<400> 1879 acaaagcccc a				11
				тт ,
<210> 1880				
<211> 11				*
<212> DNA <213> Homo	Contona			
\ZI3/ HOMO	Sapiens			
<400> 1880				
cctatagtcc t				11
		239/407		* *

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	1881 11 DNA Homo Sap	iens		
<400> taagagt	1881 gct g			11
<210> <211> <212> <213>	1882 11 DNA Homo Sap	iens		
<400> actgggt	1882 :gga a			11
<210> <211> <212> <213>	1883 11 DNA Homo Sap	piens		
<400> aaccac	1883 tgtg c			11
<210> <211> <212> <213>	1884 11 DNA Homo Sar	piens		
<400> cctata	1884 atcc t			11
<210> <211> <212> <213>	1885 11 DNA Homo Saj	piens		
<400>	1885 cagaa c			11
<210> <211> <212>	1886 11 DNA	,		
<213> <400>	Homo Sa 1886	piens		11
acage	taaca g			11
<210> <211> <212>	1887 11 DNA	piens		11
<210><211><211><212><213>	1887 11 DNA Homo Sa	piens		 11
<210><211><211><212><213>	1887 11 DNA Homo Sa 1887 aatcc c 1888 11 DNA			

WO	2004/05	59001					PCT/EP2003	/014068
cctgta	gtcg c							11
<210>	1889							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens		-				
<400>	1889							
cttcaat								11
	9							11
<210>	1890							
<211>	11							
<212>	DNA	.						
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	1890							
ccattgo								11 .
							•	
<210>	1891		ř					
<211> <212>	11							
<213>	DNA	Sapiens					•	
(215)	HOMO	Sabreits						
<400>	1891							
tgctgtg	gtcc a							11
<210>	1892							
<211>	11							
<212>	DNA	-						
<213>		Sapiens						
	•	-						
<400>	1892							
tggcttc	ccc a							11
<210>	1893				i	*		
<211>	11						,	
<212>	DNA						•	
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	1893							
gtggcag								11
								T.T
<210>	1894							
<211>	11							
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens						
(213)	HOMO	Saprens						
<400>	1894							
ttctagt	ctg c						:	11
<210>	1895							
<211>	1095							
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
	-		-			-		
<400>	1895							
tgtcctc	eccc a						:	L1
<210>	1896							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						

WO 2004/05	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 1896 gcaaatgccg t		11
<210> 1897 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1897 agccagccat t		11
<210> 1898 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1898		11
<210> 1899 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1899		11
<210> 1900 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1900 gaaaatatca a		11
<210> 1901 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1901 ggacagctca g		11
<210> 1902 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1902 acttttgccc c		11
<210> 1903 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•
<400> 1903 aggtcgggag a		.11
<210> 1904 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

<400> 1904	
aggccaggag t	11
<210> 1905	
<211> 11	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1905	
ccctgcttcc a	11
<210> 1906	ì
<211> 11 <212> DNA	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 1906 aaagtgaaaa a	1.1
, ·	11
<210> 1907 <211> 11	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1907	
accgtccact c	11
<210> 1908	
<211> 11	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
-	
<400> 1908 gtggcgcact c	
geggegeact c	11
<210> 1909	
<211> 11 <212> DNA	*
<213> Homo Sapiens	
<400> 1909	·
gctatctcag c	11
<210> 1910	
<211> 1910 <211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1910	
gccttggggg c	11
<210> 1911	
<211> 11	
<213> Homo Sapiens	
<400> 1911	
actgcactcc a	11
<210> 1912	
<211> 11 <212> DNA	
ZETS DIAU	

	wo	2004/05	9001				PCT/EP	2003/014068
	<213>	Homo	Sapiens					
	<400>	1912						
	cccgct	city a						11 .
	<210>	1913						
	<211>	11						
	<212>	DNA						
	<213>		Sapiens					•
	<400>	1913						
	gcaaaac							11
								11
	<210>	1914						
	<211>	11						
	<212>	DNA						
	<213>	Homo	Sapiens					,
	~100s	1014						
	<400>	1914						
	agtgccc	CTC T			•			11
	<210>	1915						
	<211>	11						
	<212>	DNA						
	<213>		Sapiens					
			Dapiens					
	<400>	1915						
	gacggcc	aga g						11
								T T
	<210>	1916						
	<211>	11						
	<212>	DNA						
	<213>	Homo	Sapiens					
	<400>	1016						
		1916		Ÿ.			*	
	gaggagg	agg t						11
	<210>	1917						
	<211>	11						
	<212>	DNA						
	<213>		Sapiens					
			-					
	<400>	1917						
	gtataca	aca a				*		11
	<210>	1918						
	<211>	11						
	<212>	DNA	a :					
	<213>	HOMO	Sapiens					
	<400>	1918						
	atcctcc							
	~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~ ~							11
	<210>	1919						
-	<211>	11	÷			•		
	<212>	DNA						
	<213>		Sapiens					
	<400>	1919						
	accccage	caa c						11
	010	1000						_
	<210>	1920						
	<211>	11						

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1920 agacctcctt c		11
<210> 1921 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1921 gcgagacccc a		11
	Sapiens	
<400> 1922 gtggcttaca c		11
<210> 1923 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1923 gccgggcacg g		11
<210> 1924 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1924 aaccaatctg g		11
<210> 1925 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1925 gttcatagta t		11
<210> 1926 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1926 ggcttgggga g		11
<210> 1927 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1927 gcacagatta c		11
<210> 1928		

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 1928 ttttgtgtat t		11
<210> 1929 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	o Sapiens	
ccctctgtca (ı.	11
<210> 1930 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1930		
ccactctggc t		11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1931		11
<210> 1932 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1932 acctcccacc c		11
<210> 1933 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1933 gctctggttc t		11
<210> 1934 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1934 ctagccagca g		11
<210> 1935 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1935 aagaccgagg g		. 11

WO 2004/05	59001	PCT/EP2003/014068
<210> 1936		
<211> 1936		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
Z13/ HOIIIO	Saprens	
<400> 1936		
gctgttcaga a		11
googeecaga a		11
<210> 1937		
<211> 11		•
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1937		
tcactgatct t		11
		•
<210> 1938		
<211> 11		
<212> DNA		*
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1938	,	•
<400> 1938 ggatgtggag g		11
ggatgtggag g		11
<210> 1939		
<211> 11		
<212> DNA	•	
	Sapiens	
<400> 1939		
cctttaatcc c		11
<210> 1940	•	
<211> 11	•	
<212> DNA	Contona	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1940		
gtggcgtgcg c		11
9-99-9-9-9		11
<210> 1941		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1941		
tgcaatattt c	•	11
/210> 1040		
<210> 1942 <211> 11	•	
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
(210) HOMO	- CAPTO110	
<400> 1942		
atttctgctg g		11
23 9		*
<210> 1943		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
.400		
<400> 1943		
gagtaaaaaa a		11
	247/407	

<400>

1951

WO 2004/059001

PCT/EP2003/014068

<210> 1944 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1944 ctccccatca g 11 <210> 1945 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1945 taggaaagta a 11 <210> 1946 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1946 atcgcgccac t 11 <210> 1947 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1947 aacagacact t 11 <210> 1948 <211> 11 <212> DNA<213> Homo Sapiens <400> 1948 tgaacagtaa t 11 <210> 1949 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1949 ctgcctccgt g 11 <210> 1950 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 1950 attacaccac g 11 <210> 1951 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens

WO 2004/05	59001	PCT/EP2003/014068
gatccgctct a		11
<210> 1952 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1952 ctatgtgtta c		11
<210> 1953 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1953 cctggaatcc c		
<210> 1954 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1954 tggagatgtg a		11
<210> 1955 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	. Sapiens	
<400> 1955 gttctcagga a	•	[11
<210> 1956 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1956 ccacaccggt a		. + 11
<210> 1957 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1957 tgctgcattg a		11
<210> 1958 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1958 ggagctgctg c		11
<210> 1959 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 1959 ccctctgtga t		11
<210> 1960 <211> 11 <212> DNA		
<400> 1960 aagcaaaagg t		11
<210> 1961 <211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 1961 gccgctactt c		11
<210> 1962 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1962 agcctgggag g		11
<210> 1963 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1963 accctgggca c		11
<210> 1964 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1964 gcagagcctt g		11
<210> 1965 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1965 aatatctgac t		11
<210> 1966 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 1966 gtggcgtatg c		11
<210> 1967 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WO 2004/03	59001			PCT/EP2003/014068
<400> 1967 gagtctgttc g				11
<210> 1968 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1968 ctccacctgg t				. 11
<210> 1969 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1969 tcaactggtt c				11
<210> 1970 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1970 acccacagtg c				11
<210> 1971 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·		
<400> 1971 tgcagtgact g		•		11
<210> 1972 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1972 ccttgggcct a			,	. 11
<210> 1973 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 1973 gagggccttg t				11
<210> 1974 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	***		
<400> 1974 gggttccccg g				11
<210> 1975 <211> 11 <212> DNA				

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1975 gccgccgccg c		11
<210> 1976 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 1976 gggctgctct t		. 11
<210> 1977		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1977		
ccaatttaca a		11
<210> 1978		
<211> 11	•	
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	,
	•	
<400> 1978 acagtgttaa a		11
		T.L
<210> 1979 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 1979		4
ccagattttg g	·	11
<210> 1980		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
	•	
<400> 1980 gactcaggga t		11
<210> 1981		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Conton	
C213> HOMO	Sapiens	
<400> 1981 gecegeaage t		11
<210> 1982		
<211> 11 <212> DNA		***
	Sapiens	
<400> 1982		
tgaaagtaac a		11
<210> 1983		
<210> 1983 <211> 11		

WO 2004/	059001			PCT/EP20	03/014068
<212> DNA <213> Home	o Sapiens				
<400> 1983 tgcttgacaa					11 .
<210> 198 <211> 11 <212> DNA <213> Home					
<400> 198					11
<210> 198 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		· .			
<400> 198 gatacactgg					11
<210> 198 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	•				
<400> 198					11
<210> 198 <211> 11 <212> DNA <213> Hom					
<400> 198 gcttgttaag					11
<210> 198 <211> 11 <212> DNA <213> Hom					
<400> 198 attgtgcttg			·		11
<210> 198 <211> 11 <212> DNA <213> Hom					
<400> 198 ttggcattgt					11
<210> 199 <211> 11 <212> DNA <213> Hom					
<400> 199 tggaggtggg					11
<210> 199	1				

	WU	2004/0	59001	PC 1/EP2003/01400
	<211> <212> <213>	11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> ctcaagca	1991 acc a		11
	<210> <211> <212> <213>	1992 11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> gccataaa	1992 aat g		11
÷	<210> <211> <212> <213>	1993 11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> tacaatto	1993 gtg a	•	11
	<210> <211> <212> <213>	1994 11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> tgctctg	1994 tgt a		11
	<210> <211> <212> <213>	1995 11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> tgcagaa	1995 cgg c		11
	<210> <211> <212> <213>	1996 11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> gaatccg	1996 att t		11
	<210> <211> <212> <213>	1997 11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> caagcaa	1997 aat a		11
,	<210> <211> <212> <213>	1998 11 DNA Homo	Sapiens	
	<400> ggacttt	1998 cct t		11

	wo	2004/05	59001					PCT/EP20	03/014068
<:	210>	1999							
	211>	11							
	212>	DNA							
<:	213>	Homo	Sapiens						
<	400>	1999							
	gcgtgt								11
<	210>	2000							
	211>	11							
<	212>	DNA							
<	213>	Homo	Sapiens						
<	400>	2000							
C	ctgccc	acc c							11
<	210>	2001							
	211>	11							
	212>	DNA							
	213>		Sapiens						
<	400>	2001						•	
	caacac								11
,	210>	2002							
	211>	11							
	212>	DNA				•			
	213>		Sapiens						
	400>	2002	oup_one						
	cagctg								11
		900 0						-	
	210>	2003							
	211>	11					,		
	212>	DNA							
<	213>	Homo	Sapiens						
<	400>	2003							
	cgaaac			*				•	11
_	-								- -
	210>	2004							
	211>	11	•						
	212> 213>	DNA	Condone						
`	2132	HOIIIO	Sapiens						
<	400>	2004	•						
	ccgcct						•		11
			•						
	210>	2005							
	211> 212>	11 DNA							
	213>		Sapiens						
`	2137	nomo	paprens						
<	400>	2005							
g	caagac	ccc a			•				11
_	:210>	2006							
	211>	.11						,	
	212>	DNA							
	213>		Sapiens						
			= -						
	400>	2006							
g	rtttcag	gag t							11

W O 20	UU T /UL	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,					1 (1/1/2/2	005/01400
<211> 1 <212> D	2007 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> 2 ctatcagtt	2007 et t			**				11
<211> 1 <212> D	2008 L1 DNA Homo	Sapiens				•		
<400> 2 atggcgggt	2008 eg c							11
<211> 1 <212> D	2009 L1 DNA Homo	Sapiens			,			·
<400> 2 gctgaagga	2009 aa a							11
<211> 1 <212> D	2010 11 DNA Iomo	Sapiens					•	
<400> 2 gcggcggcg	2010 Jag					-		11
<211> 1 <212> D	2011 .1 DNA Iomo	Sapiens		,				
<400> 2 gatgttaat	011 t g							11
<211> 1 <212> D	012 1 NA Iomo	Sapiens						
<400> 2 tcagtgaac	012 g c							11
<211> 1 <212> D	013 1 NA omo	Sapiens	•					
<400> 2 gaggcgctg	013 g g							11
<211> 1 <212> D	NA	Sapiens						
<400> 2	014							

WO 2004/05	9001	PCT/EP2003/014068
tcagacaaaa g		11
<210> 2015 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2015 atggtggtgg c		. 11
<210> 2016 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2016 aaacccgaag a		11
<210> 2017 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2017 tataaggtgg c		11
<210> 2018 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2018 gtttgcaagt g		. 11
<210> 2019 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2019 gcccccact c		· 11
<210> 2020 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2020 gtgcttgtac t		11
<210> 2021 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 2021 atccatctgt g		11
<210> 2022 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WO 2004/	059001			PCT/EP2003/014068
<400> 202; cgcgtgcaca				11
<210> 202: <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapieńs	. :		2.2
<400> 2023				11
<210> 2024 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens		, ,	
<400> 2024 gaggggaaac g				11
<210> 2025 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens			
<400> 2025 gccaaaacct t	_			. 11
<210> 2026 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		•	
<400> 2026 cagcgctttg a	-			. 11
<210> 2027 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2027 atgaaccgca g	-			. 11
<210> 2028 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,		
<400> 2028 ccaagaaaga a				11
<210> 2029 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2029 gagagtaaca g	•			11
<210> 2030 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			

,, 0 200 ,, 0	., ., .			101,212	00,011000
<400> 2030)				
ctccccaaa a	ı				11
<210> 2031					
<211> 11 <212> DNA					
	Sapiens				
<400> 2031 tttaattgtg a					11
					T T
<210> 2032 <211> 11					
<212> DNA					
<213> Homo	Sapiens			,	
<400> 2032					•
gcctctgtct c					11
<210> 2033					
<211> 11 <212> DNA					
	Sapiens				
<400> 2033					
gactgcgtgc c					11
<210> 2034					
<211> 11					
<212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	_			,	
<400> 2034 ttgtccagag g					
					11
<210> 2035 <211> 11					
<212> DNA					
<213> Homo	Sapiens				
<400> 2035	•				
cccgggagcg a				•	11
<210> 2036					
<211> 11 <212> DNA					
	Sapiens				
<400> 2036 ttctgtgctg g					11
					11
<210> 2037 <211> 11					
<212> DNA		- ,			
<213> Homo	Sapiens				•
<400> 2037					
gtggcgcgtg c					11
<u> </u>					
<211> 11 <212> DNA					
· LLC DIVA					

WO 20	004/05	59001	PCT/EP2003/014068
<213> F	Homo	Sapiens	
<400> 2 agccaaaaa	2038 aa a		11
<211> 1 <212> [2039 L1 DNA Homo	Sapiens	
<400> 2 aggggaagg	2039 gt g		11
<211> 1 <212> E	2040 L1 DNA Homo	Sapiens	
<400> 2 ggagatgag	2040 gg a	·	11
<211> 1 <212> D	2041 L1 DNA Homo	Sapiens	
<400> 2 aggatggcg	2041 Jg c		, 11
<211> 1 <212> D	2042 1 NA Iomo	Sapiens	
<400> 2 cctgtattc	2042 c c		11
<211> 1 <212> D	043 .1 NA Iomo	Sapiens	
<400> 2 cattataac	043 t t		11
<211> 1 <212> D	044 1 NA omo	Sapiens	
<400> 2 aggctgagg	044 c a		11
<211> 1 <212> D	NA	Sapiens	
<400> 2	045 g a		11
<210> 20 <211> 1	046 1		

WO 2004	/059001	PCT/EP2003/014068
<212> DNI <213> Hor	A no Sapiens	
<400> 20 gtgctctgta		11
<210> 204 <211> 11 <212> DNZ <213> Hor		
<400> 204	17	
<210> 204 <211> 11 <212> DNA	18	11
<400> 204 ccaggctgcg		11
<210> 204 <211> 11 <212> DNF <213> Hom		
<400> 204 tgtggtggtg		11
<210> 205 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 205 aagcettget		11
<210> 205 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 205 cctgctccct		11
<210> 205 <211> 11 <212> DNA <213> Home		
<400> 205 gagggccggt		11
<211> 11 <212> DNA	o Sapiens	
<400> 205: tagaaaccag		-1-1-
<210> 205	ı.	

WO 2004/	059001		PCT/EP20	003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2054				11
<210> 2055 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2055 gcttttcctg t				11
<210> 2056 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2056 gcatacetge a				11
<210> 2057 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	7 o Sapiens			
<400> 205 tagtagatge t	7			11
<210> 2058 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·	,	
<400> 2058 ctgtcagcgg				11
<210> 2059 <211> 11 <212> DNA <213> Home	9 o Sapiens			
<400> 2059 cccacttgta				11
<210> 2060 <211> 11 <212> DNA <213> Home				
<400> 2060 ggagaggaag			 	11
<210> 206 <211> 11 <212> DNA <213> Home				
<400> 206				11

w	O 2004/	059001				PCT/E	P2003/014068
<210>	2062	2					-
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	o Sapiens					
<400>	2062						
atgact	caag q	3	• •				11
<210>	2063	3					
<211>	11						•
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2063	3					
tgaagc	agta a	a					11
<210>	2064	l					
<211>	11		•				•
<212>	DNA						•
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2064	Į					
acctat	aagt a	ı					11
<210>	2065	i					
<211>	11	•					
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens		r			
<400>	2065						
caagca	ggac a						11
<210>	2066						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2066						
tggcago						٠	11
<210>	2067						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2067						
cctaagg							11
<210>	2068						T. T.
<211>	11				•		
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2068						
gatgccc		-	•		•		11
<210>	2069						тт
<210 <i>></i>	2069						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	2069				•	•	
agaggtg							1 1
-	-			263/407			11

<400>

2077

WO 2004/059001

PCT/EP2003/014068

<210> 2070 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2070 11 tatgcgtttg g <210> 2071 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2071 tcagcaataa a 11 <210> 2072 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2072 11 aatgtgaaat g <210> 2073 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2073 11 ggaatgcctc t <210> 2074 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2074 11 taatttgaaa a <210> 2075 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2075 gtagactctt t 11 <210> 2076 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2076 11 tgcagaagta g <210> 2077 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens

WO 2004/05	9001	PCT/EP2003/014068
ccctggctgt a		11
<210> 2078 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2078 tgatgtggaa t		11
<210> 2079 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2079 gcctccacag c		
<210> 2080 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2080 tcaaaagacc t		11
<210> 2081 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2081 taaactgaaa a		11
<210> 2082 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2082 gctggatgcg g	·	.11
<210> 2083 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2083 tgaagaatgt a		11
<210> 2084 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 2084 cgagtgagag g		11
<210> 2085 <211> 11 <212> DNA		
	Capiens	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 2085 cggggtggcc		11
<210> 2086 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,
<400> 2086 cagtgtatat a		11
<210> 2087 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2087		11
<210> 2088 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2088 aaacctgaga a		. 11
<210> 2089 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2089 ttgacttttg c		11
<210> 2090 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2090 cattttactg g		11
<210> 2091 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2091 ggcaaacttt a		11
<210> 2092 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2092 cagattgctg a		11
<210> 2093 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<400> 2093 taaacaggtg g		11
<210> 2094 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2094 atttctcatt c		11
<210> 2095 <211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 2095 taaaaccgtt t		11
<210> 2096 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2096 taaacctaaa g		11
<210> 2097 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2097 gcaccaaatg a		11
<210> 2098 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2098 ctgtagttgc c		11
<210> 2099 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2099 actgatgcaa		11
<210> 2100 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2100 gcgtaatggg		11
<210> 2103 <211> 11 <212> DNA		

WO 2004/059001				PCT/EP2003/014068	
<213>	Homo	Sapiens			
<400> tttgaad	2101 ecct t				11
<210> <211> <212> <213>	2102 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> aagttgt	2102 gaa g				11
<210> <211> <212> <213>	2103 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> aatcttg	2103 rtta a				· 11
<210> <211> <212> <213>	2104 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> ttttctt	2104 aaa a		• .		11
<210> <211> <212> <213>	2105 11 DNA Homo	Sapiens	· , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,		
<400> aaagaac	2105 ata g				11
<210> <211> <212> <213>	2106 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> atttctt	2106 caa g				11
<210> <211> <212> <213>	2107 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> cgccgag	2107 cac g		•	-	11
<210> <211> <212> <213>	2108 11 DNA Homo	Sapiens			· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<400> gaaatatt	2108 tgc t				11
<210> <211>	2109 11				

wo	2004/05	9001				PCT/EP2	003/014068
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens					
<400> tgatgat	2109 cat t						11
<210> <211>	2110 11			-			
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens					
<400> ttgtaca	2110 act g				*		11
<210> <211>	2111 11						
<212> <213>		Sapiens					•
<400> taacacto	2111 gac t				•		11
<210> <211> <212>	2112 11 DNA						
<213> <400>		Sapiens					
ttaactgt	tat t						11
<211> <212>	2113 11 DNA				•		
<213> <400>	2113	Sapiens			•		
ctatgttc	2114						11
<211> <212> <213>	11 DNA Homo	Sapiens				•	,
<400> aaggagca	2114 ag t					,	11
<211> <212>	2115 11 DNA						
<400>	2115	Sapiens					
	2116		•				11
<212>	11 DNA Homo S	Sapiens					
<400> tgatccat	2116 cc t						11
<210>	2117						

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2117 aacaggggcc a		11
<210> 2118 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2118	· . }	11
<210> 2119 <211> 11 <212> DNA <213> Homo) Sapiens	
<400> 2119		11
<210> 2120 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2120 ctataggaga	·	11
<210> 2123 <211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens	
<400> 2123 taagtgtggt	1	11
<210> 2123 <211> 11 <212> DNA <213> Home		
<400> 212		11
<210> 212 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 212 gggtagggga		11
<210> 212 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		
<400> 212 cttgttgcaa		11

WO 200 4	4/059001		PCT/EP2003/014068
<210> 212 <211> 11 <212> DNF <213> Hon			
<400> 212 cgatgttaaa			11
<210> 212 <211> 11 <212> DNZ <213> Hon			
<400> 212 caagaggcaa			11
<210> 212 <211> 11 <212> DNA <213> Hor			
<400> 212 ttgaattccc			11
<210> 212 <211> 11 <212> DNZ <213> Hor			
<400> 212 tatgacttaa			11.
<210> 212 <211> 11 <212> DNA <213> Hor			
<400> 212 tctgtttatc			11
<210> 213 <211> 11 <212> DNZ <213> Hor			
<400> 213		•	11
<210> 213 <211> 11 <212> DNZ <213> Hor			
<400> 21: ttgtgatgta		•	11
<210> 213 <211> 11 <212> DNZ <213> Hor			
<400> 21: gaggaactca		271/407	11
		271/40/7	

WO 2	004/05	9001					PC 1/EP200	J 3 /U14U00
<210>	2133							
	11							
	DNA							
		Sapiens						
		-						
<400>	2133	÷						
tagaagcc								11
	2134							
	11	-			•			
	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
	2134							
gggaaaca	gg t							11
2010 5	0105							
	2135 11						-	
	DNA		-					
		Sapiens						
(210)	1101110	Dapiens						
<400>	2135							
gaaaataa								11
J	- 5 -		*					т.т.
<210>	2136		,					
	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens	ı					
	2136	•						
tcaataaa	ac c							11
.010:								
	2137							
	11						•	
	DNA	Cantona						
\ 213>	DOIIIO	Sapiens						
<400>	2137							
tcctgtaa								
ccccgcaa	ag g			,				11
<210>	2138							
	11							
	DNA							
		Sapiens						
		_		•				
	2138							
tctgcaat	ga a							11
	2139							
	11							
	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
~>100 ~ ~	0150							
			*					
tggctagt	yı t							11
<210>	2140							
	11							
	DNA							
		Sapiens						
	.=							
<400>	2140							

WO 2004/05	59001			PCT/EP200	3/014068
gggcgggggc g	ſ				11
<210> 2141 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2141 tgtgggaacc a					11
<210> 2142 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2142 aagtttgeet g					11
<210> 2143 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2143 tccagaatcc t					11
<210> 2144 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		,		
<400> 2144 taaactgtta a	·				11
<210> 2145 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2145 aaatcaatac a					11
<210> 2146 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2146 ttcccttctt c					11
<210> 2147 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				-
<400> 2147 taccaggaac c					11
<210> 2148 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				±±

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<400> 214		11
<210> 214 <211> 11 <212> DNA <213> Home	•	
<400> 214 gtggccagag		, 11
<210> 2150 <211> 11 <212> DNA <213> Home		
<400> 2150		11
<210> 215: <211> 11 <212> DNA <213> Homo	l D Sapiens	
<400> 2151 ctgggcagag		. 11
<210> 2152 <211> 11 <212> DNA <213> Home	2 > Sapiens	
<400> 2152 tagtttgaag g	2	11
<210> 2153 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2153 teteetggae t		11
<210> 2154 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2154 atgatgatga t		11
<210> 2155 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2155 gaacgcctaa t <210> 2156		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	

***	2004/03						101/1	1 2005/014000	
<400> tgctgtgc	2156 cat a							11	
<210> <211>	2157 11								
<212> <213>	DNA	Sapiens		•					
<400>	2157	-							*
acgattg								11	
<210> <211>	2158 11								
<212> <213>	DNA	Sapiens							
<400>	2158		•				•		
ctttccc						•		11	
<210>	2159	*							
<211> <212>	11 DNA			•					
<213>	Homo	Sapiens							
<400> gcaacgg	2159 gcc c							11	
<210>	2160	,							
<211> <212>	11 DNA								
<213>		Sapiens				,			
<400>	2160					*	,	11	
								T. T.	
<210> <211>	2161 11								
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							
<400>	2161	•						-	
tgctgad	etcc c	•						11	
<210> <211>	2162 11								
<212> <213>	DNA	Sapiens							
<400>	2162	bapiens							
ctttgal								11	
<210> <211>	2163 11								
<212>	DNA	Sapiens							
<213>		paprens							
<400> atcttg	2163 aaag g							11	
<210>	2164								
<211> <212>	11 DNA								

WU	2004/03	59001				PC 1/EP2003/014008	•
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2164						
tcatcti						11	
<210>	2165						
<211>	11			•			
<212>	DNA					i	
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2165						
ccttggt	ttt g					11	
<210>	.2166						
<211>	11						
<212>	DNA	•	,				
<213>		Sapiens					
<400>	2166				-		
ttgctgg	gaga a	•	•			11	
<210>	2167						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens	•				
<400>	2167	_					
ctcccc							
	aag c				*	11	
<210>	2168						
<211>	11						
<212> <213>	DNA	Comion					
		Sapiens					
<400>	2168				•		
acaagta	.ccc a					11	
<210>	2169						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens	•				
<400>	2169						
cttctca	ccg t				-	11	
<210>	2170						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	2170						
actgctg						11	
						T-T-	
<210> <211>	2171 11						
<211>	DNA			-			
<213>		Sapiens					
<100°	01 01						
<400> atgcggg	2171 aga a						
	aga a					11	
<210>	2172						
<211>	11						
				A = < 1 4 ^ =			

WO 2004/	059001		PCT/EP2003/014068
<212> DNA <213> Hom	o Sapiens		
<400> 217 attccaatct			. 11
<210> 217 <211> 11			
<212> DNA <213> Hom	o Sapiens		
<400> 217			11
<210> 217 <211> 11 <212> DNA			
*	Sapiens		
<400> 217 aaggccgagt			11
<210> 2179 <211> 11 <212> DNA	5		
	o Sapiens	•	
<400> 2175 gctggtgcct			11
<210> 2176 <211> 11	5		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2176 acggtgatgt c			11
<210> 2177 <211> 11	· ·		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2177 ttatggggag g			11
<210> 2178 <211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2178 ctgggactga c			11
<210> 2179 <211> 11	· · ·		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2179 aacgctgcct g			1 1
<210> 2180			11

WO 2004	059001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Hom	o Sapiens	
<400> 218 ggttattttg		. 11
<210> 218 <211> 11 <212> DNA		
<213> Home	o Sapiens	
<400> 218; ggaacggatg		11
<210> 218: <211> 11 <212> DNA <213> Home	2 O Sapiens	
<400> 2182	2	
<210> 2183		11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2183		11
<210> 2184 <211> 11		
	Sapiens	
<400> 2184 aaagtcattg a		11
<210> 2185 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2185		11
<210> 2186 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2186		11
<210> 2187 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2187 cggcccaacg c		11

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<210> 2188 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2188 cggactcact g		11
<210> 2189 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2189 cccgacgtgc c		11
<210> 2190 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2190 gcggggtacc c		11
<210> 2191 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•
<400> 2191 aagccagccc c		11
<210> 2192 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2192 gcccaaggac ć		11
<210> 2193 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2193 acagggtgac c		11
<210> 2194 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,
<400> 2194 gtgacagaag a		
<210> 2195 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2195 gcgaccgtca c		11

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	2196 11 DNA Homo Sapiens			
<400> atcagtg	2196 gct t	- /	•	11
<210> <211> <212> <213>	2197 11 DNA Homo Sapiens			
<400> tctctac				11
<210> <211> <212> <213>	2198 11 DNA Homo Sapiens			
<400> ggaactt	2198 ctta g			11
<210> <211> <212> <213>	2199 11 DNA Homo Sapiens			
<400> agcacat	2199 Ettg a	·		11
<210> <211> <212> <213>	2200 11 DNA Homo Sapiens			
<400>		4.1.		11
<210> <211> <212> <213>	2201 11 DNA Homo Sapiens			
<400> cacttc				11
<210> <211> <212> <213>	2202 11 DNA Homo Sapiens			
gcctgg	ccat c			
<210> <211> <212> <213>	2203 11 DNA Homo Sapiens			
<400>	2203			

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
tgtcctggtt c		11
<210> 2204 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2204 accaaggagg a		11
<210> 2205 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2205 ccaagttttt t		11
<210> 2206 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2206 ttgtctgcct t		. 11
<210> 2207 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2207 cctttccttt a		11
<210> 2208 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2208 tgggaagtgg g		. 11
<210> 2209 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2209 atctttctgg c		. 11
<210> 2210 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2210 aacgcggcca a	- ,	11
<210> 2211 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WO 20	04/059001	PCT/EP2003/014068
<400> 2	2211 cc t	. 11
<211> 1 <212> D	212 1 NA omo Sapiens	
<400> 2 aactcttga	212 a g	11
<211> 1 <212> D	213 1 NA omo Sapiens	
<400> 2. ggaagggag	213 g c	11
<211> 1: <212> DI	214 1 NA omo Sapiens	
<400> 22	214 a a	11
<211> 11 <212> Di	215 1 NA Dmo Sapiens	
<400> 22 agacaagcto	215 g g	11
<211> 11 <212> DN	216 L WA Omo Sapiens	
<400> 22	216 c a	11
<211> 11 <212> DN		
<400> 22 atgacactca	117 . c	11
<211> 11 <212> DN		
	18	11
<210> 22 <211> 11 <212> DN <213> Hor		

<400> 2219	
tggatcctag a	11
4010	
<210> 2220 <211> 11	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
10110 Sapiens	
<400> 2220	
gaaaccgagg g	11
	11
<210> 2221	
<211> 11	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<213> Homo Sapiens	•
<400> 2221	
gtaagatttg a	1.1
	11
<210> 2222	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 2222	
gtgcctagga g	
	11
<210> 2223	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 2223	
ttttctgctg g	
	11
<210> 2224	
<211> 11	
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<213> Homo Sapiens	
<400> 2224	
gggaaggcac t	1.1
	11
<210> 2225	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 2225	
tctcaattct t	4.4
	11
<210> 2226	
<211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapiens	
<400> 2226	
gtagcataaa a	
	11
<210> 2227	
<211> 11	
<212> DNA	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2227 gtggggtgac a		11
<210> 2228 <211> 11 · <212> DNA <213> Homo		
<400> 2228 agaacctttg c		. 11
<210> 2229 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2229 tatttcaccg t		11
<210> 2230 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2230 ctaataaact t		11
<210> 2231 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2231 gccccaggta g		11
<210> 2232 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2232 aaacattaaa a		11
<210> 2233 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2233 atagctgggg c		11
<210> 2234 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2234 tggtgcagca t		11
<210> 2235 <211> 11		

	WU	2004/0	59001		PC 1/EP2003/01	1000
	<212> <213>	DNA Homo	Sapiens			
	<400> gccactac	2235 ccc c			11	
	<210> <211> <212> <213>	2236 11 DNA Homo	Sapiens			
	<400> ggcaggca	2236 aca a			11	
	<210> <211> <212> <213>	2237 11 DNA Homo	Sapiens			
	<400> cagccaaa	, 2237 ata a		•	. 11	
	<210> <211> <212> <213>	2238 11 DNA Homo	Sapiens			
	<400>	2238 ggg a	•		11	
	<210> <211> <212> <213>	2239 11 DNA Homo	Sapiens		·	
	<400> atggccat	2239 ag a			11	
	<210> <211> <212> <213>	2240 11 DNA Homo	Sapiens		·	•
	<400> ctgtcatt	2240 etg t			. 11	
	<210> <211> <212> <213>	2241 11 DNA Homo	Sapiens			
	<400> aaaaggtt	2241 at g			11	
-	<211>	2242 11 DNA Homo	Sapiens		<i>t</i>	
	<400>	2242				
	taaacctg				11	
	<210>	2243				

WO 2004/	059001				PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Họm	o Sapiens				
<400> 224 acaaaataaa			\$		11 .
<210> 224 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	4 o Sapiens				
<400> 224	4		•		. 11
<210> 224 <211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens				
<400> 224		-			11
<210> 224 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens				
<400> 2246 ctctaagaag		•			11
<210> 224 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens				
<400> 2247 cctggataaa t					11
<210> 2248 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	e e		•	
<400> 2248 ggccaaaggc					11
<210> 2249 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2249					11
<210> 2250 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				••
<400> 2250 gcagactcag t					11

WC	2004/0	59001				PCT/EP2003/01406
<210> <211> <212> <213>	2251 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ttttaaa	2251 actt g					11
<210> <211> <212> <213>	2252 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ttacgat	2252 gaa t:					11
<210> <211> <212> <213>	2253 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> gtgtgta	2253 .aaa a		-			11
<210> <211> <212> <213>	2254 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> gctagtg	2254 atg t					. 11
<210> <211> <212> <213>	2255 11 DNA Homo	Sapiens			ta.	
<400> tgtgtgc	2255 cac t					11
<210> <211> <212> <213>	2256 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> atattgt	2256 caa a					11
<210> <211> <212> <213>	2257 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> taagcatt	2257 taa a	٠.				
<210> <211> <212> <213>	2258 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ctcctgaa	2258 agg c			207/107		11
				287/407		

PCT/EP2003/014068

<210> 2259 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2259 cagattgtga a 11 <210> 2260 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2260 ctgggatgtc g 11 <210> 2261 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2261 tgtacattct g 11 <210> 2262 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2262 gtgacagaat t 11 <210> 2263 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2263 cttttcactt c 11 <210> 2264 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2264 tggggtggag t 11 <210> 2265 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2265 acctctggct t 11 <210> 2266 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2266

,, 0 2001,		101,212	,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,
cacatctctg a	a		11
<210> 226	7		
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	o Sapiens		
<400> 2267	7		
gacttgtata t	t		11
<210> 2268	Ω		
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	o Sapiens		
<400> 2268	3		
gtacattgta a			11
			T.
<210> 2269	9		
<211> 11 <212> DNA			
	o Sapiens		
TORIC	o bapions		
<400> 2269			
taacagttgt g	g .		11
<210> 2270	1		
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	o Sapiens		
<400> 2270			
cccaaacttt g			11
			<u> </u>
<210> 2271 <211> 11			
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
<400> 2271			
ttgaagtggt t	•		11
<210> 2272	2		
<211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 2272			
tgcctgtggc c			11
· .010> .0070			
<210> 2273 <211> 11			
<211> II			
	Sapiens		
<400> 2273 tgggttttaa a			
cygycciaa a	•		11
<210> 2274			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Saniona	0	
/CID/ HOMO	Sapiens		

WO 2004/	059001	PCT/EP2003/014068
<400> 227		11
<210> 227 <211> 11 <212> DNA <213> Home		-1
<400> 227		11
<210> 227 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens	
<400> 2276 gaaattaggg a		11
<210> 227' <211> 11 <212> DNA <213> Home	o Sapiens	
<400> 227 aaggatgcgg t		11
<210> 2278 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2278		11
<210> 2279 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2279		11
<210> 2280 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2280 ctgttaataa a		11
<210> 2281 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2281 atgtgaagaa t		11
<210> 2282 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
	200/407	

WO 2004/05900	01	PCT/EP2003/014068
<400> 2282 caatcagaat c		11
<210> 2283 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 2283 aattcccgtc c		11
<210> 2284 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 2284 ttaaatgcaa a		11
<210> 2285 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	•
<400> 2285 acagcgtctg c		11
<210> 2286 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sag	piens	
<400> 2286 ggagccattc t		. 11
<210> 2287 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Saj	piens	
<400> 2287 gagggttcca g		11
<210> 2288 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sap	piens	
<400> 2288 gaaaagttgc c		11
<210> 2289 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sap	piens	
<400> 2289 cgaataaaat g		11
<210> 2290 <211> 11 <212> DNA		

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2290 gtcagactgt a		11
<210> 2291 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2291 gaacgctgaa g		11
<210> 2292 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2292 gacatttttc c		11
<210> 2293 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2293 gtgcagtcct c		11
<210> 2294 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2294 gagaagactt c	4	. 11
<210> 2295 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2295 taaataaagc a		11
<210> 2296 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2296 ggcatcaggg g		11
<210> 2297 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2297 gcagtgccac t		11
<210> 2298 <211> 11		,

WO 200	04/059001	PCT/EP2003/014068
	NA omo Sapiens	
<400> 22 agccaccaca	298 a g	11
<211> 11	299 1 NA	
	omo Sapiens 299	
atatgaatgt		11
<211> 11 <212> DN		
<400> 23	300 : c	. 11
<211> 11 <212> DN	ΙA	
	omo Sapiens	
<210> 23 <211> 11 <212> DN	02	11
<400> 23 caaataaact		11
<210> 23 <211> 11 <212> DN <213> Hor	•	
<400> 230		
<210> 230 <211> 11 <212> DNA <213> Hor		
<400> 230 tgtattttga		11
<210> 230 <211> 11 <212> DNA <213> Hon		
<400> 230 aatggattat		11
<210> 230	06	

WO 2004	059001		PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Hom) Sapiens		
<400> 230 tggctggcca			11
<210> 230 <211> 11 <212> DNA <213> Hom	o Sapiens		
<400> 230 cagaagtgtc			11
<210> 230 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens		
<400> 2308 aaatgcaata 8			11
<210> 2309 <211> 11 <212> DNA <213> Homo			
<400> 2309			11
<210> 2310 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2310 ctcaggaaat a			11
<210> 2311 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2311 tggaatgetg g		•	11
<210> 2312 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		·
<400> 2312 aagttgctat t			, 11
<210> 2313 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2313 caataaactg a			11

W	O 2004/0	59001				PCT/EP2003/014068
<210>	2314					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2314					
gcacag	gcca g			•		11
<210>	2315	*				
<211> <212>	11					
<213>	DNA Homo	Sapiens				
<400>	2315					
ttaatc				•		11 .
<210>	2316					
<211>	11					•
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens			•	•
<400>	2316					•
ttcatt	gtag a		À			11
<210>	2317					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>		Sapiens				
<400>	2317					
gccgct						11
<210>	2318					*
<211>	11					•
<212>	DNA				•	
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2318					
tctctt	tttc t					11
<210>	2319		•			
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2319					
tttggtd	cttt t					11
<210>	2320					
<211>	11					
<212>	DNA	O 1				
<213>		Sapiens				
<400>	2320					
gaaaago	cctt c					11
<210>	2321					
<211>	11					
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens				
		Paptella				
<400>	2321					
tgcggag	ggcc c					11
				295/407		

WC	<i>2</i> 004/0	159001						PC 1/EP20	003/0140
<210>	2322)							
<211>	11	•							
<212>	DNA								
<213>		Sapiens							
12102	HOME	paprens							
<400>	2322								
acgacaa									
a09a0a0	augu c	•							11
<210>	2323	3							
<211>	11								
<212>	DNA				*				
<213>		Sapiens							
<400>	2323	3							
cagggag	gaga á	:							11
									1.1.
<210>	2324								
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>	Homo	Sapiens							
<400>	2324								
gatgagt	ctc g	ſ							11
<210>	0005								
	2325								
<211> <212>	11 DNA								
<213>		Conton							
\Z13>	HOIRO	Sapiens							
<400>	2325								
tgataat							•		
J									11
<210>	2326								
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>	Homo	Sapiens							
<400>	2326								
gcttaac	ctg g		*						11
.010									
<210>	2327								
<211>	11								
<212>	DNA	a 1							
<213>	пото	Sapiens							
<400>	2327								
agccttt									
ugueee	guu g	•							11
<210>	2328								
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>		Sapiens							•
-		J							
<400>	2328				v *	-			
acccacc			-	-					11
									11
<210>	2329	-							
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>	Homo	Sapiens							
<400>	2329								

WO 2004/0	59001				PCT/EP20	003/014068
agccattgtg t						11
<210> 2330 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2330 aggtcgaggc t			·			11
<210> 2331 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2331 acacgtacta t						11 .
<210> 2332 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2332 acaatgttgt a	-					11
<210> 2333 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2333 aggactggca t						11
<210> 2334 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2334 agagagagcc c						-11
<210> 2335 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				·	
<400> 2335 aaaaaaaaca a						11
<210> 2336 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2336 actcagtage c		••		*	- 4	11
<210> 2337 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 233		11
<210> 2338 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2338 agctgtttaa a		11
<210> 2339 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2339 aggataaact		11
<210> 2340 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2340 aggggaatgg g		11
<210> 2341 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·
<400> 2341 acattttgtt c		.11
<210> 2342 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2342 agccaagagc c		. 11
<210> 2343 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2343 agctcttggc a		. 11
<210> 2344 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2344 aaggggcggc g		11
<210> 2345 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

W	<i>J</i> 2004/0	59001					PC 1/EP2	003/01406 8
<400>	2345	;						
agccac								11
<210>	2346	5						
<211>	11							4
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens					*	
<400>								
agggac	ttta t							11
<210>	2347							
<211>	11							
<212> <213>	DNA	Sapiens						
<400>	2347		a.	-			•	
aacaag	taat a							11
<210>	2348					*		*
<211>	11						•	
<212> <213>	DNA	Canal and						
\213 >	пошо	Sapiens						
<400>	2348							
agccca	ggaa t							11
<210>	2349							
<211>	11							
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens						,
		1						
<400> agggato	2349							
-999466	agac a							11
<210>	2350							
<211> <212>	11							
<213>	DNA	Sapiens						
		papiens		*				
<400>	2350							
aatgtta	igag c							11
<210>	2351							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	2351							
agaactg	tgc c							11
<210>	2352							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
	. 2352							
accctga								11
<210>	2353							
<211>	11							
<212>	DNA							

wo	2004/05	59001	PCT/EP2003/014068
<213>	Homo	Sapiens	
<400> agggttt	2353 ttc t		11
<210> <211> <212> <213>	2354 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> aataaaa	2354 aat a		11
<210> <211> <212> <213>	2355 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> accaaag	2355 aag a		11
<210> <211> <212> <213>	2356 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> accgagg	2356 tgc a		11
<210> <211> <212> <213>	2357 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> aaagcat	2357 tag a		11
<210> <211> <212> <213>	2358 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> aacccag	2358 gga g		11
<210> <211> <212> <213>	2359 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> aatatto	2359 ata t		11
<210> <211> <212> <213>	2360 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> acgacaga	2360 aag c		11
<210> <211>	2361 11		

wo	2004/05	9001					PC	T/EP20	03/014068
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							•
<400> acatctg	2361 cct g								11
<210> <211>	2362 11								1 1
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							
<400> agacccca	2362 att t								11
<210> <211>	2363 11								
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens						•	
<400> actgggca	2363 aag c								11
<210> <211>	2364 11								
<212> <213>		Sapiens							
<400> aaccgaag	2364 ggg a								11
<210> <211> <212>	2365 11 DNA						·		
<213>	Homo 2365	Sapiens				٠			
aaaggcac	etg a 2366								11
<211> <212>	11 DNA	Sapiens		•	•				,
	2366	_							1 1
<211>	2367 11 DNA		·						11
	Homo : 2367	Sapiens							
aaagatgt	at c					٠			11
<211> <212>	2368 11 DNA Homo \$	Sapiens	-						
<400> :	2368 tg t								11
<210>	2369								

WO 2004/0	59001		PCT/EP2003/014068		
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens				
<400> 2369 aggctggttt a				. 11	
<210> 2370 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2370 actgatcttg t			:	11	
<210> 2371 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2371 acagtgccac t				11	
<210> 2372 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2372 aagcagttac a				11	
<210> 2373 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		•		
<400> 2373 agaaagatgg a				11	
<210> 2374 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2374 agggaaggtg a				11	
<210> 2375 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2375 agccaccgag c				. 11	
<210> 2376 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2376 agccgctgtg c				11	

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068					
<210> 237' <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens						
<400> 237	_	w of the second		11			
<210> 2378 <211> 11 <212> DNA <213> Homo							
<400> 2378 agctcccaag a							
<210> 2379 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens						
<400> 2379 aatacttctc t				11			
<210> 2380 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens						
<400> 2380 aggttaagag a				11			
<210> 2381 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens						
<400> 2381 aacgcagcct t			:	L1			
<210> 2382 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens						
<400> 2382 acagtccccc a			1	.1			
<210> 2383 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens						
<400> 2383 aaaccaattt t			1	1			
<210> 2384 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·		·			
<400> 2384 actgatgctc a		303/407	1	1			

0		03 00 1					101,212	, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	
<210>	2385								
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>		Sapiens							
12107	HOMO	bapiens							
<400>	2385								
aggtcag									
aggeoag	gac a							11	
<210>	2386								
<211>	11								
<212>	DNA				*				
<213>		Sapiens							
			*						
<400>	2386								
agccact								11	
_							•.	тт	
<210>	2387								
<211>	11							•	
<212>	DNA								
<213>	Homo	Sapiens							
<400>	2387								
aaaaatt	cat c							11	
<210>	2388								
<211>	11								
<212>	DNA		•						
<21,3>	Homo	Sapiens							
41005	0000								
<400>	2388								
aaaagtg	gtg t							11	
<210>	2389								
<211>	2309								
<212>	DNA								
<213>		Sapiens							
72107	nomo	papiens							
<400>	2389								
acccttt						-		1.1	
								11	
<210>	2390								
<211>	11								
<212>	DNA								
<213>		Sapiens			•				
		-							
<400>	2390								
aatgtcc	tcg g							11	
								,	
<210>	2391								
<211>	11								
<212>	DNA					÷			
<213>	Homo	Sapiens							
<400>	2391	-		•		•		-	-
acctgcat	ctc c							11	
4010s	0000		9						
<210>	2392								
<211>	11								
<212>	DNA	Can ! -							
<213>	пощо	Sapiens							
<400>	2392								
~4UU>	2332								

W O 2004/059001	PC 1/EP2003/014000
acctccacac g	11
<210> 2393 <211> 11	
<212> DNA	
<213> Homo Sapien	s
<400> 2393 acccagttgt t	11
<210> 2394	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapien	s
<400> 2394	
aaatcaccaa t	
<210> 2395	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapien	s
<400> 2395	
aaatttcaag c	11
<210> 2396	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	5
<400> 2396	
aagcactgtg g	11
<210> 2397	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<400> 2397	
aattttcatt a	. 11
<210> 2398	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	3
<400> 2398	
aaaagatgtt c	11
<210> 2399	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	1
<400> 2399	
actaagattg a	11
<210> 2400	
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens	

wo	2004/0	59001		PCT/EP2	003/014068	
<400> acttgat	2400 taaa t					11
						T. T.
<210>	2401	•				
<211> <212>	11 DNA					
<213>		Sapiens				
		_				
<400> agaggaa	2401					
agagga	agta a		¥ *	•		11
<210>	2402					-
<211>	11	•				
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens				
	nomo	capicins				*
<400>	2402					
agacaaa	aatt a					11
<210>	2403					
<211>	11		6			
<212> <213>	DNA	Sapiens				
\Z13>	пошо	saprens				
<400>	2403		•		*	
agctaaa	aaa a					11
<210>	2404		•			
<211>	11			•		
<212>	DNA	0				
<213>	пошо	Sapiens				
<400>	2404					
agccato	aca c				ı	11
<210>	2405					
<211>	11					
<212>	DNA	~ ·				
<213>	HOMO	Sapiens				
<400>	2405					
actgaga	aga g					11
<210>	2406					
<211>	11					
<212>	DNA		•			
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2406					
agaccct	gga c					11
<210>	2407					
<211>	11					
<212>	DNA	a				
<213>	Homo	Sapiens				-
<400>	2407					•
aagtgga	aga a					11
<210>	2408					•
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				

<400> acgggga	2408 agag t						11	
<210> <211> <212> <213>	2409 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> aatgaaa	2409 aat t						11	
<210> <211> <212> <213>	2410 11 DNA Homo	Sapiens				-		
<400> agcccca	2410						11	
<210> <211> <212> <213>	2411 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> agcacag	2411 ttg t						11	
<210> <211> <212> <213>	2412 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> agggagt	2412 gtc t		•				11	
<210> <211> <212> <213>	2413 11 DNA Homo	Sapiens		-				
<400> agaggga	2413 gtg a					•	11	
<210> <211> <212> <213>	2414 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> acgtttga	2414 att t						11	
<210> <211> <212> <213>	2415 11 DNA Homo	Sapiens					0.7	•
<400> aagagato	2415 gtt c						11	
<210> <211> <212>	2416 11 DNA							

wo	2004/05	9001				PCT/EP2003/	014068
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2416						
aagaca							11
<210>	2417						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	2417		*				
agactca	aggc c						11
<210>	2418						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>	Homo	Sapiens					
<400>	2418						
agacccc	catc t					:	L1
<210>	2419						
<211>	11				*		
<212>	DNA						
<213>		Sapiens	•				
		-					
<400> agcttcc	2419						
agettee	get t					1	.1
<210>	2420						
<211>	11						
<212>	DNA	-					
<213>	Homo	Sapiens			•		
<400>	2420						
aacccgg				-		, 1	1
							.
<210>	2421	*					
<211>	11						*
<212> <213>	DNA	C					
\Z13 >	HOIIIO	Sapiens					
<400>	2421					•	
aaactat	cac a					1	1
<210>	2422						
<211>	11						
<212>	DNA						
<213>		Sapiens					
<400>	2422						
agctttc	caa t					1	1.
<210>	2423						
<211>	11	•	•	, " J	•	w	
<212>	DNA		•				•
<213>		Sapiens					• ,
	0.45=						
<400>	2423						
aatatgt	gta c					1.	L
<210>	2424			-			
<211>	11						

W	O 2004/05	59001				PCT/EP20	03/014068
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens					
<400> agaatt	2424 taaa a						11
<210><211><211><212><213>	2425 11 DNA	Sapiens					
<400> acaaga	2425	Sapiens					11
<210> <211> <212> <213>	2426 11 DNA	Sapiens					
<400> agccatt	2426 Egca c						. 11
<210> <211> <212> <213>	2427 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> agccgga	2427				,		11
<210> <211> <212> <213>	2428 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> aaaagat	2428 gct c			-			11
<210> <211> <212> <213>	2429 11 DNA Homo	Sapiens		-			
<400> accaata	2429 cac t						11
<210> <211> <212> <213>	2430 11 DNA Homo S	Sapiens		,			
<400> agccgcg	2430 aag t						11
<210> <211> <212> <213>	2431 11 DNA Homo S	Sapiens	 		•		
<400> acatatt	2431 gag c						11
<210>	2432						

<pre><211> 11 <212> DNA <213> Bomo Sapiens </pre> <pre><400> 2432 aagatattct c</pre>	W O 2004/05	99001	PC 1/EP2003/014008
aagstattot c	<212> DNA	Sapiens	
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 2433 agtagaagaa t</pre>			11
<pre><400> 2433 agtagaagaa t</pre>	<211> 11 <212> DNA		
agtagaagaa t 11 <210> 2434 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2434 accecettee t 11 <210> 2435 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2435 agcagggta a 11 <210> 2436 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2436 agcacegtg t 11 <210> 2437 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2436 agcacect t 11 <210> 2437 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2437 agaatcacet g 11 <210> 2437 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 agaatcacet g 11 <210> 2438 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 aaaatgacag a 11 <210> 2438 aaaatgacag a 11 <210> 2439 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 aaaatgacag a 11 <210> 2439 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2439 <211> Homo Sapiens		Sapiens	
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2434 accccttcc t</pre>	agtagaagaa t		11
accccttcc t <pre> <pre> <pre> <210> 2435 <211> 11 </pre> <pre> <212> DNA <pre> <400> 2435 agccagggta a</pre></pre></pre></pre>	<211> 11 <212> DNA	Sapiens	•
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 2435 agccagggta a</pre>			11
agccagggta a 11 <210> 2436 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2436 agccaccgtg t 11 <210> 2437 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2437 agaatcacct g 11 <210> 2438 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 aaaatgacag a 11 <210> 2438 aaaatgacag a 11 <210> 2439 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2439 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2436 agccaccgtg t</pre>			11
<pre><400> 2436 agccaccgtg t</pre>	<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2437 agaatcacct g</pre>	<400> 2436		11
agaatcacct g 11 <210> 2438 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 aaaatgacag a 11 <210> 2439 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2439	<211> 11 <212> DNA		
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2438 aaaatgacag a</pre>			11
aaaatgacag a 11 <210> 2439 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2439	<211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<210> 2439 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2439	aaaatgacag a		
	<210> 2439 <211> 11 <212> DNA	· .	
aataatcctg g 11			11

WO 2004/059001	I	PCT/EP2003/014068
<210> 2440 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	3	
<400> 2440 aactggctgc t		11
<210> 2441 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2441 aaatttgtat g		11
<210> 2442 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2442 agggatatgg g		11
<210> 2443 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2443 aaagctgtgt t		11
<210> 2444 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2444 aggctattgg a		11
<210> 2445 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2445 aggaagaggc t		11
<210> 2446 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2446 acccactttc t		11
<210> 2447 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2447 acgatggccg a		11

<400>

2455

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<210> 2448 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2448 agctaccacg c	11
<210> 2449 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2449 agaaaatgtg a	. 11
<210> 2450 <211> 11	11
<212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2450 aaatggttot g	11
<210> 2451 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2451 agcccaggaa g	11
<210> 2452 <211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens <400> 2452 agccactgca t	
<210> 2453 <211> 11 <212> DNA	11
<213> Homo Sapiens <400> 2453	
agtatgagga a <210> 2454	11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2454 aggcccctta t	.· · · 11
<210> 2455 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	

,, 6 200 ,, 0				101,21	
aaggtagaac c					11
<210> 2456					4. 4.
<211> 2430					
<212> DNA					
<213> Homo	Sapiens				
<400> 2456					
aggatcgctt g					11
<210> 2457					
<211> 11					
<212> DNA	a .				
<213> Homo	Sapiens				
<400> 2457					
aactcagctc c					11
<210> 2458					
<211> 11					
<212> DNA				4	
<213> Homo	Sapiens				
<400> 2458					
aaactaccct t					11
<210> 2459					
<211> 11					
<212> DNA					
<213> Homo	Sapiens				
<400> 2459					
aagttcccat t					11
<210> 2460					
<211> 11					
<212> DNA			•		
<213> Homo	Sapiens			*	
<400> 2460	F				
aaagaatatg a					.11
<210> 2461					
<211> 11					
<212> DNA <213> Homo	Sapiens				
	paptems				
<400> 2461					
aaacatcttc a			•		11
<210> 2462					
<211> 11					
<212> DNA	Cambia				
<213> Homo	Sapiens				* *
<400> 2462					•
aaacagagct g					11
<210> 2463					
<211> 11					
<212> DNA			•		
<213> Homo	Sapiens				

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 2463 accagagagc a		11
<210> 2466 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens	
<400> 2464 agtatgcaga		. 11
<210> 2465 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2465 aactaaaaaa		11
<210> 2466 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2466		11
<210> 2467 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2467 aaaacttctg t		11
<210> 2468 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2468 aaattacata g		11
<210> 2469 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2469 acctgcttaa c		11
<210> 2470 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2470 agagcacacc t		11
<210> 2471 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

77 O 2004 /0	37001	1 C 1/E1 2003/014000
<400> 2471		
aaactagaaa t		11
_		т.т.
<210> 2472		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2472		
aatgtttaac g		11
aacyccaac g	•	11
<210> 2473		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	•
<400> 2473		•
agaatcactt a		11
J		. .
<210> 2474		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2474		
agattgctgt t		11
		<u> </u>
<210> 2475		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
\ZIJ> HOMO	papiens	·
<400> 2475		
aggtcaatga a		11
4010		
<210> 2476 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 2476		
aaacaataca c		11
<210> 2477		
<210> 2477 <211> 11	•	
<212> DNA	·	
	Sapiens	
<400> 2477		
aaacgaagtt g		11
<210> 2478		
<211> 11		
<212> DNA	and the second s	
	Sapiens	
<400> 2478		
actatttcac a		11
<210> 2479		
<211> 11		
<212> DNA		

WO 2004/05900	01	PCT/EP2003/014068
<213> Homo Sa	piens	
<400> 2479 agcagccgct c		11
<210> 2480 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 2480 aggtcgggag t		11
<210> 2481 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 2481 aaactatgca c		
<210> 2482 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Say	piens	
<400> 2482 acggtccagg a		11
<210> 2483 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sap	piens	
<400> 2483 acttctggaa c		11
<210> 2484 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sag	piens	
<400> 2484 aaggacacat c		11
<210> 2485 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sag	piens	
<400> 2485 aagtgtgttt t		11
<210> 2486 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sap	piens	
<400> 2486 aagcgctacc t		11
<210> 2487 <211> 11		

wo	2004/05	59001				PCT/EP20	03/014068
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens					
<400> aatgttt	2487 gtg a						11
<210> <211>	2488 11						
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens					
<400> agaaaga	2488 atc t						11
<210> <211> <212> <213>	2489 11 DNA	a .					
<400>	2489	Sapiens					
<210> <211> <212> <213>	2490 11 DNA	Sapiens		•			11
<400> aagcatc	2490 tca g						11
<210> <211> <212> <213>	2491 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> aaatgca	2491 gta g						11
<210> <211> <212> <213>	2492 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> acaggcag	2492 gaa a						11
<210> <211> <212> <213>	2493 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> aagcactt	2493 cct g						11
<210> <211> <212> <213>	2494 11 DNA Homo	Sapiens					·
<400> agatcagg	2494 Jag a		*				11
<210>	2495						

VV C 2004/(5,5001	1 C 1/E1 2003/014000
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2495 accacttcct o		11
<210> 2496 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2496 aacaagtett t		11
<210> 2497 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2497 aagaagcgca a		11
<210> 2498 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2498 agggagacct g	· ·	11
<210> 2499 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2499 aaaggcagga a		11
<210> 2500 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·
<400> 2500 atgaaaagtg c		11
<210> 2501 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2501 ggagggaccc c		. 11 .
<210> 2502 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2502 gtcttcgaag t		11

WO 2004/0)59001 P	CT/EP2003/014068
<210> 2503 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2503 getetgeeet e		11
<210> 2504 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2504 aacaaatcct t		. 11
<210> 2505 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2505 accgaaactt g		11
<210> 2506 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2506 tcgaaggaac a		11
<210> 2507 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2507 tataaattaa a		11
<210> 2508 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2508 gtgagactcc a		11
<210> 2509 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2509 aagcaagaat g		
<210> 2510 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2510 acttaaggtt g		11
	319/407	

PCT/EP2003/014068

<210> 2511 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2511 11 gccaagtgaa c <210> 2512 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2512 11 aggccccagg g <210> 2513 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2513 11 taacaagttt c <210> 2514 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2514 11 aatattaaaa a <210> 2515 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2515 11 gtgatgtctg t <210> 2516 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2516 11 ggececete e <210> 2517 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens 11 cagtttgaaa t <210> 2518 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2518

W U 2004,	(05)001	PC1/EP2003/014008
ccatccgcag	g	11
<210> 251 <211> 11 <212> DNA	9	
	o Sapiens	
<400> 251 aacccagaag		. 11
<210> 2520 <211> 11 <212> DNA	0	•
<213> Home	o Sapiens	
<400> 2520 ccaccacacc		11
<210> 2523 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	o Sapiens	
gcctccagat t		11
<210> 2522 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2522 tttgtggtca a	2	11
<210> 2523 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens	
<400> 2523		11
<210> 2524 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2524 gcagctgacg g		11
<210> 2525 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2525 gcttaaaaaa a		
<210> 2526 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WO 2004/059001			PCT/EP2003/014068
<400> 2526 tttgacgagc t			. 11
<210> 2527 <211> 11			
<212> DNA			
<213> Homo Sapi	ens		
<400> 2527 caggagaact g			
-			11
<210> 2528 <211> 11			· ·
<212> DNA			
<213> Homo Sapi	ens		
<400> 2528			
ggaaaattgg t			11
<210> 2529			
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo Sapid	ens		
<400> 2529			
gaactgtgag t			11
<210> 2530		*	
<211> 11 <212> DNA			
<213> Homo Sapie	ens	•	
<400> 2530	•		
atggtctcct g			11
<210> 2531			
<211> 11 <212> DNA			
<212> DNA <213> Homo Sapie	ens	,	
<400> 2531			
cggggcgcgc a			.11
<210> 2532			.
<211> 11			·
<212> DNA			
<213> Homo Sapie	ns		
<400> 2532 tggtggaggc a		•	•
			11
<210> 2533 <211> 11			
<211> 11 <212> DNA			
<213> Homo Sapie	ns · ·		
<400> 2533			
aggaagctga g			11
<210> 2534			
<211> 11 <212> DNA			
<213> Homo Sapie	ns		
		2410	

		.,					101,212	.000,01100
	<400> 2	2534						
	tgcaacta							11
		2535						
		L1						
		ANC	Sapiens					
			Saprens					
	<400> 2	2535						
								11
		2536 L1						
		DNA						
			Sapiens				•	
		2536						
	aatgcccca	ac t	,					11
		2537						,
		.1		*				
		NA Iomo	Sapiens					
-		2537	<u>-</u>					
	tcagactag							
			•					11
		:538 :1			•			
		NA						
			Sapiens					
	<400> 2	538			•			
	gttcatttt							11
	<210> 2	539						
		1						
		NA	Sapiens					
			Saprens	-	•			
	<400> 2	539						
								11
	<210> 2. <211> 1:	540 1						
		л NA						
			Sapiens					
	<400> 25	540						
	agcggctac	a c						11
		541						
	<211> 1:					-		
-		NA omo	Sapiens	•	•			-
			nahreus					
	<400> 25	541						
								11
	<210> 25 <211> 11	542 1						
		NA.						

wo	2004/05	9001]	PCT/EP2003/014068
<213>	Homo	Sapiens				
<400> atgccca	2542 aatg t					11
<210> <211> <212> <213>	2543 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> aagtgga	2543 ata a					11
<210> <211> <212> <213>	2544 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> tttttc	2544 ttc a					11
<210> <211> <212> <213>	2545 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> gagatga	2545 aat g					11
<210> <211> <212> <213>	2546 11 DNA Homo	Sapiens	·			
<400> aatcaag	2546 gtg t					11
<210> <211> <212> <213>	2547 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> tctgaag	2547 act t					11
<210> <211> <212> <213>	2548 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> taagtaa	2548 agt g					11
<210> <211> <212> <213>	2549 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ccctgtti	2549 ttt t					11
<210> <211>	2550 11					

wo	2004/0	59001					PCT/	EP2003/0140	068
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							
<400>	2550								
cgccaco								11	
<210> <211>	2551 11		ř						
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens		•					
<400> tctccac	2551 gaa g							11	
<210>	2552							11	
<211>	11								
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							
<400>	2552		,						
aagtgaa	ıgag c							11	
<210> <211>	2553								
<211 <i>></i>	11 DNA		-						
<213>	Homo	Sapiens	,						
<400>	2553								
ctacctc								11	
<210> <211>	2554 11				•				
<212>	DNA								
<213>		Sapiens		•					
<400>	2554								
acctatt			٠		•			11	
<210> <211>	2555 11								
<212>	DNA								
<213>	Homo	Sapiens							
<400>	2555								
						•		11	
<210> <211>	2556 11								
<212>	DNA								
<213>		Sapiens							
<400>	2556								
aggette	Lag C							11	
<210>	2557					• •	•		** *
<211> <212>	11 DNA								*
<213>		Sapiens							
<400>	2557								
aggetge								11	
<210>	2558	•							

WO 2004 /0	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2558 aaggtgaagt a		11
<210> 2559 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2559 taagattaga a		11
<210> 2560 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2560 ccaaatgatg a		11
<210> 2561 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 2561 tcacgcgctc c		 11
<210> 2562 <211> 11 <212> DNA	. Continue	
<213> Homo <400> 2562 ttgaagtcaa a	Sapiens	. 11
<210> 2563 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2563 caggggaagg c		. 11
<210> 2564 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2564 gaggaggtgg a		11
<210> 2565 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2565 tgcaggtact g		11

WO 2004/	059001		РСТ	/EP2003/014068
<210> 256 <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens			
<400> 256 cctgtaatcc				11
<210> 256° <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens			
<400> 256 taactccaaa				11
<210> 2568 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	-		
<400> 2568 tgccgtaaat q				11
<210> 2569 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2569 atgactgctg t				11
<210> 2570 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2570 ttacacagac t				11
<210> 2571 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2571				11
<210> 2572 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2572 aagaaatgca a				
<210> 2573 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 2573 ctcttatttc a		327/407		11

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>		Sapiens				
<400> ttctgtc	2574 gtat a					11
<210> <211> <212> <213>	2575 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> cagctta	2575 att a					11
<210> <211> <212> <213>	2576 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> gtaatto	2576 tca a		-		-	11
<210> <211> <212> <213>	2577 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> ttatcct	2577 tca c					11
<210> <211> <212> <213>	2578 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> gagctca	2578 aga t					11
<210> <211> <212> <213>	2579 11 DNA Homo	Sapiens	·			
<400> tgtgtgt		٠				11
<210> <211> <212> <213>	2580 11 DNA Homo	Sapiens				
<400> attttgc					 -	11
<210> <211> <212> <213>	2581 11 DNA Homo	Sapiens				,
<400>	2581					

	3,7001	1 C 1/E1 2005/014000
cgtggtggtg g		11
<210> 2582 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2582 aagtgcattt c		. 11
<210> 2583 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 2583 aacaaattct t		·
<210> 2584 <211> 11		. 11
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2584 cggcaggaaa a		11
<210> 2585 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2585 ttgtttttgg a		11
<210> 2586 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 2586 tgcctgtgaa a		
<210> 2587 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 2587		
atgtataata a <210> 2588 <211> 11		11
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	:
<pre><400> 2588 ggtccagcat c <210> 2589</pre>		11
<211> 11 <212> DNA	Sapiens	

WO 2004/05	9001			P	CT/EP2003/0	014068
<400> 2589 agattactga t					1	.1
<210> 2590 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2590 tgttgggttc t					1	.1
<210> 2591 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		ż			
<400> 2591 atgggcactg a					_, 1	.1
<210> 2592 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2592 atgcattgtt t					. 1	.1
<210> 2593 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			·		
<400> 2593 ctgtgattgt g					1	1
<210> 2594 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			<i>:</i>		
<400> 2594 ccaaaattct a					1	1
<210> 2595 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2595 gacctgcact c					1	1
<210> 2596 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		-	,		
<400> 2596 ggcaagtgca a					1	1
<210> 2597 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				·	

										 1,2120	,0,011000
	<400 >	05.07									
	<400> cctggcc	2597 cta t									11
	<210>	2598									
	<211> <212>	11 DNA									
	<213>		Sapiens								
	<400>	2598									
	aggtatg										11
	<210> <211>	2599 11									
	<212>	DNA									*
	<213>	Homo	Sapiens	*							
	<400>	2599									
	gaaatgt	atg c		•							11
	<210> <211>	2600 11									
	<211>	DNA									
	<213>	Homo	Sapiens								
	<400>	2600									
	aggagat	gga g									11
	<210>	2601								ř	
	<211> <212>	11 DNA	i								
	<213>		Sapiens					•	•		
	<400>	2601									
	tctatct	cag g		•							11
1	<210> <211>	2602									
	<211>	11 DNA								•	
	<213>		Sapiens								
	<400>	2602									
	agagcag						•				11
	<210> <211>	2603 11									
	<211>	DNA									
	<213>	Homo	Sapiens								
	<400>	2603									
	tgggtct										11
	<210> <211>	2604 11									
	<211>	DNA		• • •	•	**			• .		
	<213>		Sapiens								
	<400>	2604									
	tggagag										11
	<210> <211>	2605 11									
	<211>	DNA									

WO 2004	059001			PCT/EP	2003/014068
<213> Hom	no Sapiens				
<400> 260 ttctttgtag					11
<210> 260 <211> 11 <212> DNA <213> Horr					
<400> 260 gtgaaccctg					11
<210> 260 <211> 11 <212> DNA <213> Hom					
<400> 260 gtcagaacac					11
<210> 260 <211> 11 <212> DNA <213> Hom					
<400> 260 gtgcaacccc				·	11
<210> 260 <211> 11 <212> DNA <213> Home					
<400> 2600 ttccctgtgt					11
<210> 2610 <211> 11 <212> DNA <213> Homo) O Sapiens	*			
<400> 2610 aaaaggagat					11
<210> 2611 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2611					11
<210> 2612 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		**		
<400> 2612 gatccaaatg t					11
<210> 2613 <211> 11					

WO 2	2004/05	59001	PCT/EP2003/014068
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens	
<400> gatgttgt	2613 tcc a		. 11
<210> <211> <212> <213>	2614 11 DNA	Sapiens	
<400> gagaaaaa	2614		. 11
<210> <211> <212>	2615 11 DNA		
<400> cagactgt	2615 tt c		. 11
<211> <212>	2616 11 DNA Homo	Sapiens	
	2616		11
<211> <212>	2617 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> cttcgggc	2617 tg c		11 .
<211> :	2618 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> 2 gtggcatao	2618 ca c		. 11
<211> 1 <212> 1	2619 11 DNA Homo	Sapiens	
<400> 2	2619 ag a		11
<211> 1 <212> D	2620 L1 DNA Homo S	Sapiens	
<400> 2	2620 Sag		11
<210> 2	2621		

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400>. 2621 actcaaatct t		. 11
<210> 2622 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2622 taattttaac t		11
<210> 2623 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2623 taggtcagga c		11
<210> 2624 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2624 actgcaccac t		11
<210> 2625 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2625 ggatacaaca c		11
<210> 2626 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2626 ggcttcctaa t		11
<210> 2627 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2627 gcacaagagt g		,11
<210> 2628 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•
<400> 2628 gcctccagcc t		11

WO 2 0	004/0:	59001			PCT/EP20	03/014068
<211> 1 <212> D	2629 L1 DNA					
	iomo	Sapiens				
<400> 2 taaacattg	2629 gt c			- N		11
<211> 1 <212> D	2630 L1 DNA Homo	Sapiens			•	
	2630					
	631					11
<211> 1 <212> D	.1 NA	Sapiens			,	
	631	Dapiens				·
tcctacgga						11
<211> 1 <212> D	632 1 NA					
		Sapiens				
<400> 2 ccctgttca	632 g c					11
<211> 1: <212> DI	NA	Gamilana.				
		Sapiens			ř	
<400> 20 gaacacatto	633 g a					11
<211> 1: <212> Di	634 1 NA					
-		Sapiens				
<400> 26	634 a g					11
<210> 26 <211> 11	635 1					
<212> DN	NA	Sapiens				
	635					11
<211> 11						
<212> DN <213> Ho		Sapiens				
<400> 26	536 g					11

<400>

2644

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 <210> 2637 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2637 gtggcacccg c 11 <210> 2638 <211> 11 -<212> DNA .<213> Homo Sapiens <400> 2638 aaactcacgc c 11 <210> 2639 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2639 gctggccgga a 11 <210> .2640 <211> 11<212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2640 tcgaatttta g 11 <210> 2641 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2641 agccctcaac a 11 <210> 2642 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2642 tgttgtattt g 11 <210> 2643 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2643 gtgagggcac a 11 <210> 2644 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens

WU 2004/05	9001	PC 1/EP2003/014008
gctgtagaca a		11
<210> 2645 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2645 gtggtggacg c		. 11
<210> 2646 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 2646	Sapiens	
gtgaaaccgt c		. 11
<210> 2647 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2647 gacggctgca a		11
<210> 2648 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2648 gtgctcagcc t		11
<210> 2649 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2649 acctggtgtc t		11
<210> 2650 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2650 caggcactga a		11
<210> 2651 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2651 gtggcatttg c	Supplemental Control of the Control	11
<210> 2652 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

W	U 2004/059001		PC 1/EP2003/014008
<400>	2652		
	2652 cacc c	•	
220204			11
<210>	2653		
<211>	11		
<212>	DNA	•	
<213>	Homo Sapiens		
<400>	2653		
atgctg			•
acgocg	coly c		. 11
<210>	2654		
. <211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	2054		
CCCCac	2654		
CCCCac	caaa C		11
<210>	2655		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens	•	
<100×	0.655		
<400> tttctgl	2655		
ccccg	Lyaa. C		11
<210>	2656		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	2050		
atacata	2656		
acacaca	iaca a		. 11
<210>	2657		•
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	2657		
taccaag		•	
	oca g		11
<210>	2658		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	2658		
gtagggg	2000 CCt C		
5-45555	000 0		11
<210>	2659		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens	- · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	
<400>	2650		•
cctgtaa	2659 atc.c		
Julycaa			11
<210>	2660		
<211>	11 .		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens		

77 0 200 7 000 001		101,212,000,011,000
<400> 2660		
gggctccagg a		11
<210> 2661 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo Sapiens		· ·
<400> 2661		
agcggagtct g		11
<210> 2662 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2662		
acccatcgcc t		11
<210> 2663 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2663		
gaagtcattt t		11 .
<210> 2664 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2664		
tgtttggttt c		11
<210> 2665 <211> 11		•
<212> DNA <213> Homo Sapiens	•	
<400> 2665 . ggggcttcca g		
<210> 2666		11
<211> 11 <212> DNA		
<213> Homo Sapiens		
<400> 2666 cctccctgct c		11
<210> 2667 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 2667		
atgggatttt t		11
<210> 2668 <211> 11		
<212> DNA		

W O 2004/0	39001	PCI	/EF2003/014008
<213> Homo 8	Sapiens		
<400> 2668 acgtctctat t			11
<210> 2669 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2669 gctggttcct g	Dapieno		11
<210> 2670 <211> 11 <212> DNA	Quanti an a		
<213> Homo <400> 2670 accaaatatt t	Sapiens		11
<210> 2671 <211> 11 <212> DNA	Sapiens		
<213> Homo <400> 2671 acactetece c	Saptells		11
<210> 2672 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2672 ggagtaaggg g	•		11
<210> 2673 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		•
<400> 2673 cctgtactcc c			11
<210> 2674 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2674 ccagcagctt c			11
<210> 2675 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	• • • • • • • • • • • • • • • • • • •	
<400> 2675 ctagacgttg a			11
<210> 2676 <211> 11	;		

WO 200	04/059001	PCT/EP2003/014068
	NA . omo Sapiens	
<400> 26 atcgcgacac	676 c t	11
<211> 13 <212> Di	677 1 NA omo Sapiens	
<400> 26 ctgccctagt	677 t a	11
<211> 11 <212> Di	678 1 NA Omo Sapiens	
<400> 26	678 a a	11
<211> 11 <212> DN	679 1 NA Omo Sapiens	
<400> 26	679 t c	11
<211> 11 <212> DN	580 L NA Dmo Sapiens	
<400> 26	680 c t	11
<211> 11 <212> DN		
<400> 26 acagagcaca	581 a g	11
<211> 11 <212> DN		
<400> 26	582 e g	11
<211> 11 <212> DN		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<400> 26	583 a t	11
<210> 26	584	

w	O 2004/059001	PCT/EP2003/014068
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	2684	•
tgcctat		11
		• · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
<210>	2685	
<211> <212>	11 DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	2685	11
gcagct	caga t	11
<210>	2686	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	2686	
gtigt.cg	catc t	11
407.05	0.007	
<210> <211>	2687 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
1100	0.007	
<400>	2687 ceca g	11
cagcac	secca y	
<210>	2688	
<211>	11	
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
12107		
<400>	2688	11
atgtco	caatt t	11
<210>	2689	
<211>	11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	
<400>	2689	
aatato	ggtac a	11
<210>	2690	
<210 <i>></i>		
<212>		
<213>		
<400>	2690	
	ttggc g	11
<210>		
<211>		
<212> <213>		
-2107		
<400>		11
aaaca	gttgt g	11

wo	2004/05	59001				PCT/E	P2003/014068	}
<210> <211> <212> <213>	2692 11 DNA							
<400>	2692	Sapiens						
tggtaga					•		11	•
<210> <211> <212> <213>	2693 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> tgaggga	2693 tgg a						11	
<210> <211> <212> <213>	2694 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> tctctgc	2694	Dupiens					11	
<210> <211> <212> <213>	2695 11 DNA Homo	Sapiens						•
<400> ggctcaaa							11	
<210> <211> <212> <213>	2696 11 DNA Homo	Sapiens				-		
<400> ggggcctc	2696 gag t						11	
<210> <211> <212> <213>	2697 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> gtgaggco	2697 cc g						11	
<211> <212>	2698 11 DNA Homo	Sapiens						
gagccccc							11	
<211> <212>	2699 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> tcagcgga	2699 ga a		343/407	,			11	
			343/407/					

<400>

2707

WO 2004/059001

PCT/EP2003/014068

<210> 2700 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2700 ccctcctgct c 11 <210> 2701 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2701 cactgagcca a 11 <210> 2702 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2702 cctgaaaagc t 11 <210> 2703 <211> 11 <212> DNA <21,3> Homo Sapiens <400> 2703 atggggagag a 11 <210> 2704 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2704 gcacttacaa a 11 <210> 2705 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2705 ggagccagct g 11 <210> 2706 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2706 gcttcgtgct g 11 <210> 2707 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens

11 0 2004/0	57001				1 (1/112	003/01400
gaagcaataa a						11
<210> 2708 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				·	
<400> 2708 gctactcttt g			•	•		11
<210> 2709 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2709 tectecaagg c		٠.				11
<210> 2710 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					•
<400> 2710 aacccaaact c						11
<210> 2711 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2711 cagtccccct c			*		-	11
<210> 2712 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2712 gttaaaaaaa a						.11
<210> 2713 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					
<400> 2713 gaatttggga t	Dapieno				,	11
<210> 2714 <211> 11 <212> DNA	Caniana					
<213> Homo <400> 2714 gctttgtatc c						11
<210> 2715 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens					

wo	2004 /0	59001					P	CT/EP2(003/0140	68
<400> tggggc	2715 cgca g								11	
<210> <211> <212> <213>	2716 11 DNA									
<400> gggaaco	2716								11	
<210> <211> <212>	2717 11 DNA								11	
<213>	Homo	Sapiens								
<400> aagataa	2717 aact c		in					٠	11	
<210> <211> <212>	2718 11 DNA					4				
<213> <400>	2718	Sapiens				•				
aaagtgg <210>	1959 g 2719								11	
<211> <212> <213>	11 DNA Homo	Sapiens								
<400> gagagga	2719 .cag a								11	
<210> <211> <212> <213>	2720 11 DNA Homo	Sapìens	٠					*		
<400> tggttgc	2720 gac a								11	
<210> <211> <212> <213>	2721 11 DNA Homo	Sapiens								
<400> tctgtta	2721 ata a								11	
<210> <211> <212> <213>	2722 11 DNA Homo	Sapiens								
<400> ttgtgata	2722 act a								11	
<210> <211> <212> <213>	2723 11 DNA Homo	Sapiens							- -	
				246/407						

<400>	2723							
accago	tgtc c						11	
<210>	2724							
<211>	11							
<212>	DNA						ь	-
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	2724							
gttctc		,			•		11	
<010°	0705							
<210> <211>	2725 11							
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
<400>	0705		•					
gaagaa	2725							
gaagaa	oudy t						11	
<210>	2726		•					
<211> <212>	11							
<213>	DNA Homo	Sapiens						
		capions						
<400>	2726				•			*
ttaataa	aaat a						11	
<210>	2727							
<211>	11		*					
<212> <213>	DNA	Comicus						
(213/	HOIIIO	Sapiens						
<400>	2727							
gggctgg	gacg g						11	
<210>	2728							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	2728		•					
tggctta							11	
<210>	0700						**	
<210 <i>></i>	2729 11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	2729		1					
gaccatt								
							11	
<210>	2730							
<211> <212>	11 DNA			***				*
<213>		Sapiens	•			*		-
<400>	2730							
agaactg	yaa a						11	
<210>	2731							
<211>	11_							
<212>	DNA							

YY (J 2004/(199001				PC 1/EP2003/014008
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	273	1				
cagggc						11
<210>	2732	2		•		
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2732					
tcaagt	ccag a	1		•		11
<210>	2733	3				
<211>	11					
<212> <213>	DNA					
\2137	пошс	Sapiens				•
<400>	2733					
ccacgto	ccat c					11
<210>	2734					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2734					
ttttctg	gagt g					11
<210>	2735					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens	,			•
<400>	2735					
ctcacta	gtg g					11
<210>	2736					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens	•		*	
<400>	2736					
tgaatac	tac t					11
<210>	2737					4
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2737					
gaaagat [.]	tgg a					11
<210>	2738					
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2738					
gcccagg						
						11
<210> <211>	2739 11					
-211/	T T					

	**	2004/	057001			101/1	1 2005/01400
	212> 213>	DNA Homo	Sapiens				
	400> aaggca	2739 cca t					11
<: <:	210> 211> 212> 213>	2740 11 DNA Homo	Sapiens				
	400> atgagc	2740 ggc t					11
< <	210> 211> 212> 213>	2741 11 DNA Homo	Sapiens				
	400> tggact	2741 .ccg c					11
, <	210> 211> 212> 213>	2742 11 DNA Homo	Sapiens				
	:400> jaaggta	2742 igtg c					11
<	(210> (211> (212> (213>	2743 11 DNA Homo	Sapiens				
	(400> catgtgo	2743 ccac t					11
	<210> <211> <212> <213>	2744 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> actgct	2744 gtct a					11
,	<210> <211> <212> <213>	2745 11 DNA Homo	Sapiens				
	<400> aatctg	2745 gttg (11
	<210> <211> <211> <212> <213>	11 DNA	6 Sapiens				
	<213 <i>></i> <400> aagtag	274	6				11
	<210>	274	7				

WO 2004/	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens	
<400> 274 aggtggaggt		. 11
<210> 2748 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2748 tatcctggta a		11
<210> 2749 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2749 gagcacatca g		11
<210> 2750 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2750 cgaccctctc c		11
<210> 2751 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2751 gtcttcaaag a		11
<210> 2752 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2752 gaggaagget c	,	
<210> 2753 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2753 attttttcaa g		11
<210> 2754 <211> 11 <212> DNA	Sapiens	
<400> 2754 accaggcaag g		11

WO 20	04/059001			PCT	C/EP2003/014068	
<211> 1: <212> Di	755 1 NA omo Sapiens					
<400> 2° gccccggago	755 c c				11	
<211> 13 <212> Di						
<400> 27 tgtatgccgt	756 - c				11	
<211> 11 <212> DN						
<400> 27	757 5 t	,			11	
<211> 11 <212> DN						
<400> 27 gagctgcagg				•	11	
<210> 27 <211> 11 <212> DN <213> Ho						
<400> 27 tgatgatgtt					11	
<210> 27 <211> 11 <212> DN <213> Hor						
<400> 27 gagctgcatc					11	
<210> 276 <211> 11 <212> DNA <213> Hori						
<400> 270 cttgagtcac				 •	11	-
<210> 276 <211> 11 <212> DNI <213> Hom						
<400> 276 ctttgttttg					11	
			351/407			

WO 2004/059001	PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	276 11 DNA Homo	3 Sapiens					
<400> agtttg	276: igget (11
<210> <211> <212> <213>	2764 11 DNA Homo	1 Sapiens			,		
<400> gtccgg	2764 agtc t						11
<210> <211> <212> <213>	2765 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> gtggct	2765 gagg t						11
<210> <211> <212> <213>	2766 11 DNA Homo	Sapiens					*
<400> tggtttt	2766						11
<210> <211> <212> <213>	2767 11 DNA Homo	Sapiens					11
<400> gtgtggg	2767	04,20110	-	,			11
<210> <211> <212> <213>	2768 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> cgtggcc	2768	_					11
<210> <211> <212> <213>	2769 11 DNA Homo	Sapiens					
<400> gtggggag	2769 gga c						11
<210> <211> <212> <213>	2770 11 DNA Homo	Sapiens					
<400>	2770	1 =					

tetettegga a 11 <210> 2771 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2771 gagegaagag t 11 <210> 2172 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2772 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2774 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 geoteccage c 11 <210> 2775 geoteccage c 11 <210> 2775 geoteccage c 11 <211> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 geoteccage c 11 <210> 2776 aggaatggta g 11 <211> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 211> 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 211> 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 2777 aggaatggta g 11 <210> 2777 211> 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 2777 aggaatggta g 11 <210> 2777 211> 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 2777 atcaggaccc t 11	W U 2004/059	/001			PC1/EP2003/014008
<pre><211> 11 </pre> <pre><212> DNA <213</pre>	ttctttggga a				11
<pre><211> 11 </pre> <pre><212> DNA <213</pre>	<210> 2771				
<pre><213></pre>					
<pre><400> 2771 gagagaagag t</pre>					
gagagaagg t 11 <210> 2772 <211> 11 -212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2772 attttgtcgt g 11 <210> DNA <211> 11 <212> DNA <213 Homo Sapiens <400> 2773 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 gctgggcgc t 11 <210> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2774 <211> 11 -212> DNA <213> Elomo Sapiens <400> 2774 -211> 11 -212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2775 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens -400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens -400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens	<213> Homo S	apiens			
gagagaagg t 11 <210> 2772 <211> 11 -212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2772 attttgtcgt g 11 <210> DNA <211> 11 <212> DNA <213 Homo Sapiens <400> 2773 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 gctgggcgc t 11 <210> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2774 <211> 11 -212> DNA <213> Elomo Sapiens <400> 2774 -211> 11 -212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2775 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2776 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens <400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens -400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens -400> 2777 -211> 11 -212> DNA -213> Homo Sapiens	· - // // 2771				
<pre><210> 2772 <221> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 2772 attttgtcgt g</pre>			,		11
<pre> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2772 attttgtegt g</pre>	gagagaagag c				11
<pre><212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2772 attttgtggt g</pre>			·	•	
<pre><213> Homo Sapiens <400> 2772 attttgtcgt g</pre>					
<pre><400> 2772 attttgtcgt g</pre>					
attttgtcgt g	<213> Homo S	apiens			
attttgtcgt g	<400> 2772				
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 gctgggcgc t</pre>			•		11
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 gctgggcgc t</pre>					
<pre><212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2773 gctggcgcc t</pre>					
<pre><213> Homo Sapiens <440> 2773 getgggegge t</pre>					
<pre><400> 2773 gctgggcgc t</pre>		laniens			
gctgggcggc t 11 <210> 2774 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2774 tattcactaa a 11 <210> 2775 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2776 ggcctccage c 11 <210> 2776 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2776 <211> 11 <212> DNA <211> Home Sapiens <10 2776 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2776 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2777 aggaatggta g 11 <210> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens	12107 110110 0	Aprend			
<pre> <210> 2774 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2774 tattcactaa a</pre>					
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 2774 tattcactaa a</pre>	gctgggcggc t				· 11
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 2774 tattcactaa a</pre>	<210> 2774				
<pre><212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2774 tattcactaa a</pre>					
<pre><213> Homo Sapiens <400> 2774 tattcactaa a</pre>			-		
tattcactaa a 11 <210> 2775 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 ggcctccagc c 11 <210> 2776 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t 11 <210> 2778 <211> 11		Sapiens	,		
tattcactaa a 11 <210> 2775 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 ggcctccagc c 11 <210> 2776 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 c211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t 11 <210> 2778 <211> 11	<400> 0774				
<pre><210> 2775 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 ggcctccage c</pre>		•			11
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 ggcetccage c</pre>					
<pre><212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2775 ggcctccagc c</pre>					
<pre><213> Homo Sapiens <400> 2775 ggectccage c</pre>		•			
<pre><400> 2775 ggcetccage c</pre>					
ggcctccagc c 11 <210> 2776 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g 11 <210> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t 11 <210> 2778 <211> 11	<213> Homo S	apiens	•		
<pre><210> 2776 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g</pre>	<400> 2775				
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g</pre>	ggcctccagc c			•	11
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g</pre>	Z210N 2776				
<pre><212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g</pre>					
<pre><213> Homo Sapiens <400> 2776 aggaatggta g</pre>					
<pre><400> 2776 aggaatggta g</pre>		Sapiens			
aggaatggta g 11 <210> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t 11 <210> 2778 <211> 11					
<pre><210> 2777 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t</pre>					
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t</pre>	aggaatggta g				11
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t</pre>	<210> 2777				
<pre><212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2777 atccggaccc t</pre>					
<400> 2777 atccggaccc t 11 <210> 2778 <211> 11					
atccggaccc t 11 <210> 2778 <211> 11	<213> Homo S	Sapiens			
atccggaccc t 11 <210> 2778 <211> 11	<400> 2777		•		
<210> 2778 <211> 11					. 11
<211> 11	accoggacco c				11
			-		
<212> DNA		~ ·			
<213> Homo Sapiens	<213> Homo \$	Sapiens			

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<400> 2778 gctctcggcg g		. 11
<210> 2779 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2779 aactgggtet g		. 11
<210> 2780 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2780 agtaaaaaaa a		11
<210> 2781 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2781 ttactgccta g		. 11
<210> 2782 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2782 cacaagcttc a		11
<210> 2783 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2783 tatggtacca a		11
<210> 2784 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2784 acacttcttg g		11
<210> 2785 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2785 cagecetece g		11
<210> 2786 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

<400>	2786	5						
aaaaca								11
<210>	2787	7						11
<211>	11	1						
<212>	DNA							
<213>		Sapiens						
<400>	0705	•			•			
tgggaa	2787							
	uuoc c	•						11
<210>	2788	3						
<211>	11							
<212> .<213>	DNA Homo	Sapiens						
, 12107	1101110	, pabrens						
<400>	2788			•				
gatttg	aaat g	Ī						11
<210>	2789)						
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	2789		-					
aggttt								4.4
		*						11
<210>	2790		•			•		
<211> <212>	11		4					
<213>	DNA Homo	Sapiens						
		_						
<400>	2790							
cacctto	orde e							11
<210>	2791							
<211>	11							
<212>	DNA							
<213>	Homo	Sapiens						
<400>	2791		•					
taaaggt								11
<210>	2792							11
<211>	2792 11							
<211>	DNA							
<213>		Sapiens						
	1101110	odpiciis						
<400>	2792							
ccttttg	iggt t							11
<210>	2793							
<211>	11							
<212>	DNA		* · · · · · · · · · · · · · · · · · · ·					
<213>		Sapiens						
<400>	2793							
ggtcccg								
								11
<210>	2794							
<211>	11							
<212>	DNA							

wo	2004/0)59001				PCT/EP2003/014068
<213>	Homo	o Sapiens				
<400>	279	4				
acaaaa	gaca a	a				11
<210>	2795	5 .				
<211> <212>	11 DNA	•		*		
<213>		Sapiens				
<400>	2795	:				
taggaa						.11
<210>	2796	5				,11
<211>	11					
<212>	DNA					
<213>	Homo	Sapiens				
<400> agatcga	2796					
	ague c	•			*	11 .
<210>	2797	1				•
<211> <212>	11					
<213>	DNA	Sapiens				
				•		
<400> ccacgto	2797 atac a					
						11
<210>	2798			4		
<211> <212>	11 DNA					
<213>		Sapiens	•			
<400>	2798					
tctgcaa	igca g				•	11
<210>	2799				•	
<211>	11				•	
<212>	DNA				*	
<213>	Homo	Sapiens				
<400>	2799	•				
gaggact	tgc g					11
<210>	2800					
<211>	11					
<212> <213>	DNA	a 1				
		Sapiens				
<400> ggctggg	2800 ttt t					11
<210>	2801			,		
<211>	1.1.				•	
<212>	DNA	0				
<213>	ното	Sapiens				•
<400>	2801					
ttcacca	ggg c					11
<210>	2802					
<211>	11					

W O 2004/	059001	PC 1/EP2003/01400
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2802 gctgtacaaa g		11
<210> 2803 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2803 aaggaagatt g		11
<210> 2804 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2804 atcagtgtga a		11
<210> 2805 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2805 aggaaagcca g		. 11
<210> 2806 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2806 gatggggttc c		11
<210> 2807 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2807 cactgccttt g		11
<210> 2808 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 2808 tcggttacaa g		11
<210> 2809 <211> 11 <212> DNA <213> Home		
<400> 2809	9	11
<210> 281	0	•

WU 2004/	059001	PC1/EP2003/014008
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2810 ttagtcttca (11
<210> 2813 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 2811 ggagagaaaa		11
<210> 2812 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 2812 ttttaacaaa a		11
<210> 2813 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2813 cactgtgtgt a		11
<210> 2814 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2814 aggggaaaat a		11
<210> 2815 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2815 tcctttgtgc c		11
<210> 2816 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2816 cctgtctgca c		11
<210> 2817 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2817 agtgtgcgct t		11

WO 2004/0	959001	PCT/EP2003/014068
<210> 281: <211> 11 <212> DNA <213> Home	Sapiens	
<400> 2818 cgccgcttct		11
<210> 2819 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2819 gtcattatgc t		11
<210> 2820 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2820 aatccaaagg c		11
<210> 2821 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2821 gagccataga a		11
<210> 2822 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2822 gggggctgct c		11
<210> 2823 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2823 aacacatcag c	·	11
<210> 2824 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2824 aatgtgattt c		
<210> 2825 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2825 tctgcttttg a		11
	359/407	

<400>

2833

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068 <210> 2826 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2826 11 ctgaaaacca c <210> 2827 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2827 11 cactctatcc g 2828 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2828 11 aattctgtaa a <210> 2829 <211> 11 <212> DNA Homo Sapiens <213> <400> 2829 11 ggtacactgc g 2830 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2830 11 ggcttgctga c <210> 2831 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2831 11 ttcctcgggc a <210> 2832 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2832 11 tctggaccgg c 2833 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens

WO 2004/059	001	PCT/EP2003/014068
agtcgccttc a		11
<210> 2834 <211> 11 <212> DNA <213> Homo 8	Sapiens	
<400> 2834 gattttctac t		11
<210> 2835 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	
<400> 2835 ttggccgggc t		11
<210> 2836 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	apiens	
<400> 2836 ggctcagggc t		. 11
<210> 2837 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	apiens	
<400> 2837 gcttccggcc c		11
<210> 2838 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 2838 aagatcattg a		11
<210> 2839 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 2839 atacatttag g		11
<210> 2840 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	
<400> 2840 gttgagtaac a		11
<210> 2841 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	

<400> 2841 ctgecccgs g <210> 2842 <211> DNA <213> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2842 ctttttctgt 11 <210> 2843 <211> 11 <212> DNA <213> Bomo Sapiens <400> 2843 tacqutgagt t 11 <210> 2844 <211> 11 <212> DNA <213> Bomo Sapiens <400> 2844 dtgagacccc c 11 <210> 2845 <211> 11 <212> DNA <213 Bomo Sapiens <400> 2845 caactttagg g 11 <210> 2846 <211> 11 <212> DNA <213 Bomo Sapiens <400> 2846 <211> 11 <212 DNA <213 Bomo Sapiens <400> 2847 <111 <212 DNA <210> 2848 <211> 11 <212 DNA <213 Bomo Sapiens <400	WO 2004/	059001		PC1/EP2003/014008
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 2842 cttttttetg t</pre>				11
ctttttctg t	<211> 11 <212> DNA		•	
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2843 tacgatgagt t</pre>				11
tacgatgagt t	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2844 gtgagacccc c</pre>				. 11
Stage Stag	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Home Sapiens <400> 2845 caactttagg g</pre>				. 11
caactttagg g 11 <210> 2846 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2846 gctactatta g 11 <210> 2847 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens 11 <210> 2847 tc211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2847 tctgtagtcc c 11 <210> 2848 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens 11 <210> 2848 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens 11 <210> 2848 aaattgttcc a 11 <210> 2848 aaattgttcc a 11 <210> 2849 <211> 11 <212> DNA	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2846 gctactatta g</pre>				11
<pre>catestate g gctactatta g 11 <210> 2847 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2847 tctgtagtcc c 11 <210> 2848 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <11 <210> 2848 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <11 <210> 2848 aaattgttcc a 11 <210> 2849 <211> 11 <210> 2849 <211> 11 <212> DNA</pre>	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2847 tctgtagtcc c</pre>	gctactatta g			
tctgtagtcc c 11 <210> 2848 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2848 aaattgttcc a 11 <210> 2849 <211> 11 <212> DNA	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 2848 aaattgttcc a 11 <210> 2849 <211> 11 <212> DNA</pre>				. 11
aaattgttcc a 11 <210> 2849 <211> 11 <212> DNA	<211> 11 <212> DNA	Sapiens		
<210> 2849 <211> 11 <212> DNA				11
	<211> 11 <212> DNA	Sapiens		

				•	
	<400> ccacgtgg	2849 jct g			11
	<211> <212>	2850 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> ccacctgo	2850 tt t			11
	<210> <211> <212>	2851 11 DNA			
			Sapiens		
	<400> agcactgt	2851 ac t			. 11
-	<210> <211> <212>	2852 11 DNA	,		
	<213>	Homo 2852	Sapiens		
	cctcccag	jca a			11
_	<210> <211> <212> <213>	2853 11 DNA Homo	Sapiens		•
	<400> cccggctc	2853 ect c	,		11
	<210> <211> <212> <213>	2854 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> gttttcct	2854 ga a			11
	<210> <211> <212> <213>	2855 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> gggggcag	2855 ggt c		• •	11
	<210> <211> <212> <213>	2856 11 DNA Homo	Sapiens		
	<400> aacaacto	2856 jgc t			11
	<210> <211> <212>	2857 11 DNA			

wo	2004/059001	PCT/EP2003/014068
<213>	Homo Sapiens	
<400> cagctct	2857 cgag a	11
<210> <211> <212> <213>	2858 11 DNA Homo Sapiens	
<400> tgtaaca	2858 nata a	. 11
<210> <211> <212> <213>	2859 11 DNA Homo Sapiens	
<400> tgggact	2859 cca g	11
<210> <211> <212> <213>	2860 11 DNA Homo Sapiens	·
<400> ctcccgg	2860 cga t	. 11
<210> <211> <212> <213>	2861 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gggcgag	2861 aac a	11
<210> <211> <212> <213>	2862 11 DNA Homo Sapiens	
<400> agtatgc	2862 cac t	11
<210> <211> <212> <213>	2863 11 DNA Homo Sapiens	
<400> aaaacat	2863 cca g	11
<210> <211> <212> <213>	2864 11 DNA Homo Sapiens	
<400> gacattt	2864 gtc c	11
<210> <211>	2865 11	

WU	2004/0	59001						PC 1/EP	2003/014008
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							
<400> aactcct	2865 tcg t								. 11
<210> <211> <212> <213>	2866 11 DNA Homo	Sapiens							
<400> gagttcga	2866 acc t	•		-					11
<210> <211> <212> <213>	2867 11 DNA Homo	Sapiens							
<400> cctccago	2867 cag c			•					11
<210> <211> <212> <213>	2868 11 DNA Homo	Sapiens							
<400> acagactg	2868 gat a		e.						11
<211> <212>	2869 11 DNA Homo	Sapiens							
<400> gttgcaga	2869 ta a			-				. ,	11
<211> <212>	2870 11 DNA Homo	Sapiens		. •					
<400> gcagagat	2870 gg g							•	11
<211> <212>	2871 11 DNA Homo \$	Sapiens				:			
<400> acatttca	2871 at t								11
<211> <212>	2872 11 DNA Homo S	Sapiens			e e		٠		
<400> 2 gagcggctd	2872 ct g								11
<210>	2873								

WO 2004/	059001			PCT/EP20	03/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Hom	o Sapiens				
<400> 287 catttatcat			· .		11 .
<210> 287 <211> 11 <212> DNA <213> Hom		٠			
<400> 287					11
<210> 287 <211> 11 <212> DNA <213> Home					
<400> 2879 tgtgatcaca					11
<210> 2876 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2876 gcattgagtg t	5				11
<210> 2877 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens				
<400> 2877 gttcactgca g	,		•		11
<210> 2878 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2878					. 11
<210> 2879 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens				
<400> 2879 gtgaaaccct t					11
<210> 2880 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			•	
<400> 2880 ggctccttga g					11

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<210> 2881 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·
<400> 2881 cctgaagaag t		11
<210> 2882 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2882 cacgttccct a		. 11 ,
<210> 2883 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2883 ctatgggatt t		11
<210> 2884 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,
<400> 2884 tactgtagtc a		11
<210> 2885 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2885 aaggtggagt g		. 11
<210> 2886 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2886 agaaatcact g		11
<210> 2887 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2887 accegegagg a		. 11
<210> 2888 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2888 tgggctctga a		11

W	U 2004/059001			PC 1/EP2003/01400
<210> <211> <212> <213>	2889 11 DNA Homo Sapiens			
<400> ttgcgg	2889 Tagec e			11
<210> <211> <212> <213>	2890 11 DNA Homo Sapiens		·	
<400> ccttgc	2890 tttt a			11
<210> <211> <212> <213>	2891 11 DNA Homo Sapiens			
<400> agtctc	2891 ccct a			11
<210> <211> <212> <213>	2892 11 DNA Homo Sapiens			
<400> cctccc	2892 otgo a			. 11
<210> <211> <212> <213>	2893 11 DNA Homo Sapiens			
<400> tttttca	2893 aatc a			11
<210> <211> <212> <213>	2894 11 DNA Homo Sapiens			
<400> cctctgg	2894 agg c			11
<210> <211> <212> <213>	2895 11 DNA Homo Sapiens			
<400> gtttgaa	2895 ggg a	 ••	• .•	.· 11
<210> <211> <212> <213>	2896 11 DNA Homo Sapiens			,
<400>	2896			

W O 2004/0	59001		PC 1/EP2003/014008
accacaaata a	ı		11
<210> 2897 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens		
<400> 2897			11
<210> 2898		•	
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
<400> 2898 gctccagcca t			11
<210> 2899 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens		
<400> 2899	_		
ggatgtagag a			. 11
<210> 2900 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens		
<400> 2900			
ccttgtccag c			11
<210> 2901 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens		
<400> 2901	,		
gccggccgga c			11
<210> 2902 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens		
<400> 2902			
aaactttgcc t			11
<210> 2903 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens		
<400> 2903		**	
tgaggaagac a			11
<210> 2904 <211> 11			
<212> DNA	Sapiens		
	_		

WO 2004/0	59001	PCT/EP20	03/014068
<400> 2904 tcgggagctg g			11
<210> 2905 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2905 cgctttgcgc g			11
<210> 2906 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2906 tacttgggag g			11
<210> 2907 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2907 ctgaggcctg g			11
<210> 2908 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•	
<400> 2908 gcctcctgtc a			11
<210> 2909 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	,	
<400> 2909 ttcagggctt c			11
<210> 2910 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2910 gctttttcaa a			11
<210> 2911 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	en en en	
<400> 2911 gggtgggtag c			11
<210> 2912 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		

W O 2004/0	55001	1 C 1/E1 2005/014000
<400> 291	2	
ctgtagaaat (11
<210> 2913 <211> 11	3	<u>.</u> •
in .	Sapiens	
<400> 2913 aatgaataaa		11
<210> 2914 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2914 cttctgctgg c		11
<210> 2915 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2915 gctggagcgc c		11
<210> 2916<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2916 gtggaagacg a		. 11
<210> 2917 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2917 atttgcctct g		11
<210> 2918 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2918 tttgtgggca g		11
<210> 2919 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2919 cgggtagtat t	04P±0110	11
<210> 2920 <211> 11		11
<212> DNA		

wo	2004/05	59001						PCT/EP20	03/014068
<213>	Homo	Sapiens		ı					
<400> gcactt	2920 tgag g								11
<210> <211>	2921 11			• **					11
<212> <213>	DNA	Sapiens							
<400> gaaacc	2921 ctca c				•				11
<210> <211>	2922 11								11
<212> <213>	DNA	Sapiens	•						
<400> cctacca	2922 acag c								, 11
<210> <211>	2923 11								11
<212> <213>	DNA	Sapiens							
<400> aggaaca	2923 acaa a								11
<210> <211>	2924 11								
<212> <213>	DNA	Sapiens		·		•			
<400> gcaacca	2924 .cga c								11
<210> <211>	2925 11		-				•		
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens						7	
<400> tcctgcc	2925 ctc a								11
<210> <211>	2926 11								
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							
<400> aaaactt	2926 tgt c								11
<210> <211>	2927 11		-		* 2				
<212> <213>	DNA Homo	Sapiens							
<400> agggacat	2927 taa a			,					11
<210> <211>	2928 11								

WO 2004/0	059001	PC1/EP2003/014068
.010.		
<212> DNA <213> Hom		
<213> Hom	o Sapiens	
<400> 292	8	
gaggatttgg		11
<210> 292	9	
<211> 11 <212> DNA		
	o Sapiens	
<400> 292		
cttgattaaa (C	11
<210> 2930	n	
<211> 2930	.	
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens -	
.400.	•	
<400> 2930		
ctgtactagg 1	-	11
<210> 293	1	
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2931	, 	
ctgaggcgct t		11
		11
<210> 2932		•
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
1101110	, saprone	
<400> 2932		•
aaaacctgta a		11
<210> 2933		
<211> 2355 <211> 11	,	
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400 0000		
<400> 2933		
		11
<210> 2934		
<211> 11	, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2934		
gtggcgcgca c		. 11
· .0.1.0		.
<210> 2935 <211> 11		•
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	-	
<400> 2935		•
agtggctgcc c		11
<210> 2936		
		·

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2930 ctgaccggtg		11
<210> 293° <211> 11 <212> DNA		
<400> 2937		
<pre>catagageca c <210> 2938 <211> 11</pre>		11
<212> DNA	Sapiens	
<400> 2938 aattgccact g		11
<210> 2939 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2939		11
<210> 2940 <211> 11 <212> DNA		•
<213> Homo <400> 2940	Sapiens	
agcccgccgc g <210> 2941 <211> 11		. 11
<212> DNA	Sapiens	
<400> 2941 ctaacttcgt t		11 .
<pre><210> 2942 <211> 11 <212> DNA <213> Homo</pre>	Sapiens	. ·
<400> 2942 tagtccctct t		. 11
<210> 2943 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2943 tgtcagagat g		11

WO 2004/0	059001	1	PCT/EP2003/014068
<210> 294 <211> 11 <212> DNA <213> Home			
<400> 294			11
<210> 2949 <211> 11 <212> DNA <213> Homo			
<400> 2945 tttgcaatta t			. 11
<210> 2946 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2946 ttggggaaac a			11
<210> 2947 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens		
<400> 2947 tgatgcgcgc t			11
<210> 2948 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2948 aggetgtgtt c			11
<210> 2949 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2949 aatggattac c			11
<210> 2950 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2950 gaaggcatct t			
<210> 2951 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2951 tgtgtgtgtg t		375/407	11

WU 2004/059001	PC1/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	2952 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> gaacgto	2952 ctta c				11
<210> <211> <212> <213>	2953 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> attacaa	2953 aacc t				11
<210> <211> <212> <213>	2954 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> cgctgtg	2954 stgc t				11
<210> <211> <212> <213>	2955 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> cagtggg	2955 gtt a			,	11
<210> <211> <212> <213>	2956 11 DNA Homo	Sapiens	•		
<400> tctggac	2956 tcg g				11
<210> <211> <212> <213>	2957 11 DNA Homo	Sapiens		·	
<400> tgagaga	2957 cat c				11
<210> <211> <212> <213>	2958 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> ttctggc	2958 act g				11
<210> <211> <212> <213>	2959 11 DNA Homo	Sapiens			
<400>	2959		254405		

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/014068
gtagaaaaga a	a	11
<210> 2960 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2960 tctacttttg 1		11
<210> 2963 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	
<400> 2963 gacacaggca g		. 11
<210> 2962 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2962 gacctcctgc c		11.
<210> 2963 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2963 gaatgctgac c		11
<210> 2964 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2964 ggcctctgag c		11
<210> 2965 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2965 gaatgtaagt a		11
<210> 2966 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 2966 agctaccggg c		11
<210> 2967 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

W O 2004/03	59001	PC1/EP2003/014008
<400> 2967		-
gtttgcctga g		11
<210> 2968		
<211> 11		
<212> DNA	•	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2968		
<400> 2968 ttttgtaaat a		11
cccigcaaac a		T T
<210> 2969		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2969		
gatctcatct g	•	. 11
55		
<210> 2970		
<211> 11		
<212> DNA	Gamilan -	
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2970		
gtggcccgca g		. 11
<210> 2971		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	•
		,
<400> 2971		
ggccactcta g		. 11
<210> 2972		
<211> 11		• *
<212> DNA .		
<213> Homo	Sapiens	
4400> 0070		
<400> 2972 atcagtgtgc a		11
accagigige a		ΤΤ.
<210> 2973		
<211> 11		
<212> DNA		
<213> Homo	Sapiens	
<400> 2973		
caggttgaca g		11
	•	
<210> 2974		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
12107 HOMO		
<400> 2974		
cagggcgggt t		11
Z0105 0077		
<210> 2975 <211> 11		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	250/405	

<400> 2975 cctaggacet g	11
<210> 2976 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2976 aaggccaccg g	11
<210> 2977	11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2977	
gctgtgcctg g <210> 2978	11
<210> 2978 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2978	
cgggatteet c <210> 2979	11
<211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens <400> 2979	
ccacaacetg g	11
<210> 2980 <211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens <400> 2980	
gctgcaccgg t <210> 2981	11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens	
<400> 2981 aagaaaggag t	11
<210> 2982 <211> 11 <212> DNA	
<213> Homo Sapiens <400> 2982	
gggggttggt t	11
<210> 2983 <211> 11 <212> DNA	

WO 20	04/059001		P	CT/EP2003/014068
<213> H	Iomo Sapiens			
<400> 2 gggtctgcg	.983			11
	984			
	NA Iomo Sapiens			
<400> 2 gactcgccc	984 a c		·	11
<211> 1	985			
	NA Como Sapiens			,
<400> 2 ttgggagtg	985 a g			11
<211> 1 <212> D	986 1 NA omo Sapiens	· ·		
	986			11
<211> 1:	987 1 NA omo Sapiens			
	987	•		11
<211> 1: <212> D)	988 1 NA omo Sapiens			
<400> 29	988 g a			11
<211> 13 <212> Di	989 1 NA omo Sapiens			
<400> 29	989 c c			11
<211> 11 <212> Di	990 1 NA omo Sapiens			
	990			11
<210> 29 <211> 11	991 1			

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003	6/014068
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens		
<400> 2991 aacagaatat 9			11
<210> 2992 <211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2992 gaccagcaga o			11
<210> 2993 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 2993 ctaccagcac c	;		11
<210> 2994 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
cggcgctccc t			11.
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2995 acacacgcaa g			11
<210> 2996 <211> 11			11
<212> DNA	Sapiens		
<400> 2996 ggcgccaaaa a			11
<210> 2997 <211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
tgtttggggg c			11
<211> 11 <212> DNA			
<400> 2998	Sapiens		
agagacaagt c	•		11

WO 2004/0	59001	PCT/EP2003/0140	68
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 2999 gggggaggga a		11	*
<210> 3000			
<211> 11 <212> DNA		+	
	Sapiens		
<400> 3000 gcctcctgag t		11	
<210> 3001			
<211> 11 <212> DNA	,		•
	Sapiens		
<400> 3001 agcaagcccc c		. 11	
<210> 3002	<u>!</u>		
<211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3002			
gatggggaca a	·	11	
<210> 3003	3		
<211> 11 <212> DNA			
	Sapiens		
<400> 3003			
tttcctgtgt g	}		
<210> 3004 <211> 11	l		
<212> DNA			
<213> Homo	Sapiens		
<400> 3004 ggtggagcag a		11	
<210> 3005	5		
<211> 11		•	
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3005 agttccacca 9			
<210> 3006	5		
<211> 11	-		
<212> DNA <213> Homo	o Sapiens		
<400> 3000 attgaccgct		11	

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014068
<210> 3007 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3007 cagcotcoct g		11
<210> 3008 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3008 tccctggctg t		11
<210> 3009 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3009 cctatcagta a		11
<210> 3010 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3010 gcttttcaga c		11
<210> 3011 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3011 aggcetgget a		11
<210> 3012 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3012 agtatctggg a		11
<210> 3013 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3013 ggccccattt t		11
<210> 3014 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens		
<400> 3014 acctgctggt g	383/407	11

W O 2004/0	32001		1 C 1/E1 2003/	014000
<210> 3015 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3015 ggctcccaag g			1	L1.
<210> 3016 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3016 tgccccccta g			1	
<210> 3017 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3017 gtggagcgga g			:	11
<210> 3018 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3018 actctgccaa g				l1
<210> 3019 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3019 gaaagagctg a				11
<210> 3020 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3020 aaaatgtact g			:	11
<210> 3021 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3021 ccagcgtgga a			:	11 ,
<210> 3022 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3022		384/407		

	001	PC1/EP2003/014008
ttagcagttg g		11
<210> 3023 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 3023 aatgactgaa t		11
<210> 3024 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 3024 ccctcctccg t		11
<210> 3025 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 3025 attettegga e		11 -
<210> 3026 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 3026 actegetetg t		11
<210> 3027 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens	
<400> 3027 gagcagctgg a		11
<210> 3028 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	apiens	
<400> 3028 gggggcgcct t		11
<210> 3029 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	apiens	
<400> 3029 atataggtcg t		11
<210> 3030 <211> 11 <212> DNA <213> Homo S	Sapiens	

WU 2004/05900	J1	PC 1/EP200	J3/U14U08
<400> 3030 gacactgaaa t			11
<210> 3031 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens		
<400> 3031 acgcaggcgc c			11
<210> 3032 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens		-
<400> 3032 aggaatgctt t	• .		11
<210> 3033 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens	· .	•
<400> 3033 tgcgcgccct g			11
<210> 3034 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens		
<400> 3034 ggaatccaat c			11
<210> 3035 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	piens		
<400> 3035 aagactggct t			11
<210> 3036 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens		
<400> 3036 gtgatctccg t	•		11
<210> 3037 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens		
<400> 3037 geceegagee e			11
<210> 3038 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sa	apiens		

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<400> 3038 tcattgtaat g		11
<210> 3039 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3039 accccaccca g		11
<210> 3040 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 3040 tgtcatcaca g		11
<210> 3041 <211> 11		
<212> DNA <213> Homo <400> 3041	Sapiens	
gagaacgggg a <210> 3042		11
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3042 ttcactgccg a		11
<210> 3043 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3043 ctgatggcag a		11
<210> 3044 <211> 11 <212> DNA <213> Homo		
<400> 3044 cctttggcta g		11
<210> 3045 <211> 11 <212> DNA		
<213> Homo <400> 3045		
cccctctgag t		11
<210> 3046 <211> 11 <212> DNA	387/407	

WU	2004/03	59001					PC I/EP20	JU 3 /U14U0
<213>	Homo	Sapiens						
<400> actacctt	3046 ca c				-			11
<210> <211> <212> <213>	3047 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> ggtggctt	3047				. *			11
<210> <211> <212> <213>	3048 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> gagggtgd	3048 cca a							11
<210> <211> <212> <213>	3049 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> atctgaag	3049 gca g	·	· ·	•				11
<210> <211> <212> <213>	3050 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> gaatcat	3050 ttt g					-		11
<210> <211> <212> <213>	3051 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> cggggaga	3051 atg a							11
<210> <211> <212> <213>	3052 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> gagactc	3052 ctg c							11
<210> <211> <212> <213>	3053 11 DNA Homo	Sapiens	••			·		
<400> caggagt	3053 tca a							. 11
<210> <211>	3054 11			24	00/405			

WU 2004/059001		9001				PC 1/EP20	JU 3 /U14U0	
		NA lomo	Sapiens					
	<400> 3 acttggagc	054 c g						11
	<211> 1 <212> D	055 1 NA			•			
		055	Sapiens			•		
	agaccaaag	rt g						11
	<211> 1 <212> D	056 1 NA Iomo	Sapiens					
	<400> 3 atagacgca	056 a t						11
	<211> 1 <212> D	057 1 NA Iomo	Sapiens	·				
	<400> 3 actgtgcca	3057 ic t						11
	<211> 1 <212> D	058 1 NA Iomo	Sapiens					
	<400> 3 actgttctc	058 t t			• .			11
	<211> 1 <212> D	059 1 NA Iomo	Sapiens					
	<400> 3 aatggcatt	3059 g a						11
	<211> 1 <212> D	3060 1 NA Iomo	Sapiens					
	<400> 3 tgctgctgc	3060 t t						11
	<211> 1 <212> D	3061 1 NA	Sanjene					•
	<400> 3	8061	Sapiens					
	cttcctgta							11
	<210> 3	3062			200/407			

WO 2004/0	59001		PCT/EP2003/0	014068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3062 aggccctgct c			. 1	1 .
<210> 3063 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3063 ctggccgcaa g			1	1
<210> 3064 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		· .	
<400> 3064 ttgagagatg a			. 1	1
<210> 3065 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3065 ccagcgcagc c			1	1 .
<210> 3066 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3066 ttgttggata t			1	1
<210> 3067 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3067 aaagtttgag a			1	1 .
<210> 3068 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3068 ctgaggtgat g			1	1.
<210> 3069 <211> 11 <212> DNA	Sapiens			
<400> 3069			1	1

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014068
<210> 3070 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3070 cctctgcact c		11
<210> 3071 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	en <i>s</i>	
<400> 3071 gcccagccct g		11
<210> 3072 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3072 aaaagatact a		. 11
<210> 3073 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3073 gcctgggctg g		. 11
<210> 3074 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3074 aatccgactc t		11
<210> 3075 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	en <i>s</i>	
<400> 3075 gccccgccct c		11
<210> 3076 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3076 ggggctgtgg c		11
<210> 3077 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3077 tgtagaaaaa a		11

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	3078 11 DNA Homo	Sapiens		·	
<400> ccacacac	3078 ccg t				11
<210> <211> <212> <213>	3079 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> gactagto	3079 gcg t				11
<210> <211> <212> <213>		Sapiens			,
<400> gatgaaca	3080 act g				11
<210> <211> <212> <213>	3081 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> agcctgca	3081 aga a				11
<210> <211> <212> <213>	3082 11 DNA Homo	Sapiens			
<400> cctttca	3082 agc a				11
<210> <211> <212> <213>	3083 11 DNA Homo	Sapiens			
<400>	3083 ctg t				11
<210> <211> <212> <213>	3084 11 DNA Homo	Sapiens			
 <400> atggcct		-			 11
<210> <211> <212> <213>	3085 11 DNA Homo	Sapiens			
<400>	3085	•	302/407		

11	W U 2004	1/059001	PC I/Er2	UU3/U14U0
<pre>2211> 11 <2212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 3086 ccctggcaat g</pre>	tttgcacttg t			11
ccctggcaat g 11 <210> 3087 <211> 11 <212> DNA <213> Romo Sapiens <400> 3087 gacagacatc a 11 <210> 3088 <211> 11 <212> DNA <213 Homo Sapiens <400> 3088 tctatagagt t 11 <210> 3089 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3089 calt 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3089 calt 211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3090 caatcacaaa a 11 <210> 3090 calt 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3090 agcttgcgct c 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3091 calt 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3091 calt 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 3091 calt 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 3091 calt 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 3091 calt 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 3091 calt 11 <212> DNA <213+ Homo Sapiens <400> 3092 agcattttg c 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> 3093 calt 11 <210> DNA	<211> 11 <212> DNA			
<pre> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3087 gacagacatc a</pre>				11
11	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3088 tctatagagt t</pre>				11
tetatagagt t 11 <210> 3089 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3089 caatcacaaa a 11 <210> 3090 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3090 agettgeget c 11 <210> 3091 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3091 cattagagaatt a 11 <210> 3091 cattagagaatt a 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3091 cattagagaatt a 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3091 cattagagaatt a 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3092 cattagagaatt a 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <4100> 3092 cattagagaatt a 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <4100> 3092 cattagagaatt a 11 <210> 3093 cattagagagagagagagagagagagagagagagagagag	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens </pre> <pre><400> 3089 caatcacaaa a</pre>				11
<pre>caatcacaaa a</pre>	<211> 11 <212> DNA	,		
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3090 agcttgcct c</pre>				11
agcttgeget c 11 <210> 3091 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3091 tcaagaaatt a 11 <210> 3092 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3092 agcacttttg c 11 <210> 3093 <211> 11 <212> DNA	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3091 tcaagaaatt a</pre>				11
tcaagaaatt a 11 <210> 3092 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3092 agcacttttg c 11 <210> 3093 <211> 11 <212> DNA	<211> 11 <212> DNA			
<pre><211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3092 agcacttttg c</pre>				11
agcacttttg c 11 <210> 3093 <211> 11 <212> DNA	<211> 11 <212> DNA	L		
<211> 11 <212> DNA			. •	11
	<211> 11 <212> DNA	7		•

***	, 200 4 /0	35001		1 C 1/E1 2005/014000
<400>	3093			
ttcctcca				11
	5 -			
<210>	3094			
<211>	11			
<212>	DNA	O-miona		
<213>	ното	Sapiens		
<400>	3094			
gaggccg				11
<210>	3095			
<211> <212>	11 DNA			
<213>		Sapiens		
		<u>-</u> -		
<400>	3095		•	. 11
gtcacag	tcc t			11
<210>	3096			•
<211>	11			A
<212>	DNA			
<213>		Sapiens		
<400> ctgggat	3096			. 11
Cigggai	cat c			•
<210>	3097			
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	3097			
ctgtggc				11
<210>	3098			
<211> <212>	DNA			
<213>		Sapiens		
<400>				. 11
tgaggco	agg c			11
<210>	3099	I		
<211>	11			
<212>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
<400>	3099	· ·		
ctaacgo				11
ocaaog	Jugo u	•		
<210>	3100)		
<211>	11			
<212>	. DNA	Sapiens		
<213>	пошс	, paprens		•
<400>	3100)		
gctgttd				11
-0 m n	24.64	ı		
<210> <211>	3101 11	L		
<211>	DNA			
<213>	Homo	Sapiens		
			20.4140	

PCT/EP2003/014068

<400> 3101 11 caaatgcaaa g <210> 3102 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3102 11 gccagacacc c <210> 3103 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3103 11 agggagaggg g 3104 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3104 11 atcaaatgca a <210> 3105 <211> 11 <212> DNA Homo Sapiens <213> <400> 3105 11 agctgttctg c <210> 3106 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3106 11 ggagaagatg a 3107 <210> <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3107 11 ccaaaattag g <210> 3108 <211>. .11. . <212> DNA Homo Sapiens <213> <400> 3108 11 aacgtgcagg g <210> 3109 <211> 11 <212> DNA

**	J 2004/03/001		1 C 1/E1 2003/014000
<213>	Homo Sapiens		
<400> cagctgg	3109 cca t		11
<210>	3110		
<211>	11		
<212> <213>	DNA Homo Sapiens		
<400> ctgggag	3110 agg c		11
<210>	3111		
<211>	11		
<212>	DNA Homo Sapiens		
<213>	nomo saprens		
<400>	3111		11
ttgttct	ttg t		
<210>	3112		
<211>	11 DNA		
<212> <213>	Homo Sapiens		
<400>	3112		
ggcaggo			11
<210>	3113		
<211>	11		
<212>	DNA		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	3113		11
gtgttg	ggg t		
<210>	3114		
<211> <212>	11 DNA		
<213>	Homo Sapiens		
	·		
<400> cctgtg	3114 tata t		11 ⁻
<210> <211>	3115 11		
<211>	DNĀ		
<213>	Homo Sapiens		
<400>	3115		
gccaag			11
-<210> -	.3116		
<211>	11		
<212>	DNA Homo Sapiens		
<213>			
<400>	3116		11
gagggt	ggcg c		,
<210>	3117		
<211>	11	396/407	

PCT/EP2003/014068

**	0 2004/03/001	1 C 1/E1 2003/014000
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400>	3117	11
gatgtct		
<210> <211>	3118 11	
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400> ccttgae	3118 ccaa t	11
<210>	3119 11	
<211> <212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	•
<400>	3119	. 11
cgctgt		11
<210> <211>	3120 11	
<212>	DNA	•
<213>	Homo Sapiens	
<400> cctgaa	3120 attt g	11
<210> <211>	3121 11	
<212>	DNA	
<213>	Homo Sapiens	:
<400> tacaat	3121 caatt t	11
<210>	3122	
<211>	11	
<212> <213>	DNA Homo Sapiens	
<400>	3122	
	gtggt g	11
<210>	3123	
<211>	11	
<212> <213>		
<400>	3123	
	ccgca g	11
<210>		•
<211>	11	
<212> <213>		
<400>	3124	11
agggg	cgcag a	11
<210>	3125 397/407	

	2004/0			PC1/EP2003	
<211>	11				
	DNA		•		
		Canione			
(213/	пошо	Sapiens			
-400>	2105				
<400>	3125			-	L 1
ttctcccg	jct t			-	Lak
.040.	2126				
<210>	3126				-
<211>	11				
<212>	DNA	_			
<213>	Homo	Sapiens	•		
<400>	3126				1 1
accttcct	ag t				11 .
<210>	3127				
<211>	11				
<212>	DNA				
<213>	Homo	Sapiens		*	,
<400>	3127				
aatttcta	att t				11
<210>	3128				
<211>	11				
<212>	DNA				
<213>		Sapiens			
		•			
<400>	3128				
gtgtctc					11
,					•
<210>	3129			•	
<211>	11		•		
<212>	DNA			•	
<213>		Sapiens			
	1101110	o ap - o			
<400>	3129			-	
aaggaag			•		11
aaggaag	cuu c				
<210>					11
	3130				11
	3130				
<211>	11				
<211> <212>	11 DNA				
<211>	11 DNA	Sapiens			
<211> <212> <213>	11 DNA Homo				
<211> <212> <213> <400>	DNA Homo				
<211> <212> <213>	DNA Homo				11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc	11 DNA Homo 3130 ccg a				
<211> <212> <213> <400> gtgcatc	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131				
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131				
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA	Sapiens			
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA				
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo	Sapiens			
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo	Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo	Sapiens			
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g	Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag <210>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g	Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag <210> <211>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g 3132	Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag <210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g 3132 11 DNA	Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag <210> <211>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g 3132 11 DNA	Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag <210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g 3132 11 DNA Homo	Sapiens Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag <210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g 3132 11 DNA	Sapiens Sapiens			11
<211> <212> <213> <400> gtgcatc <210> <211> <212> <213> <400> tttgtag <210> <211> <212> <213>	11 DNA Homo 3130 ccg a 3131 11 DNA Homo 3131 atg g 3132 11 DNA Homo	Sapiens Sapiens			11

PCT/EP2003/014068

	*****	37001	1 C 1/E1 200	3/014000
	<210> 3133 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
	<400> 3133 tgtgctaata t			11
	<210> 3134 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
	<400> 3134 tgctgggtgg g			11 .
	<210> 3135 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
	<400> 3135 tggcctgccc a			11
	<210> 3136 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
	<400> 3136 gcacctcagc c			11
	<210> 3137 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	· :	
	<400> 3137 tcacagctgt g			11
	<210> 3138 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
	<400> 3138 cctgtagtcc t			11
	<210> 3139 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
-	<400> 3139 aaggatgcca a			11
	<210> 3140 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
	<400> 3140 ccctaggttg g		399/407	11

399/407

WO 2004/059001 PCT/EP2003/014068

<210> <211> <212> <213>	3141 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> cacacag	3141 ttt t	•	·					11
<210> <211> <212> <213>	3142 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> gattact	3142 tct c			-				11
<210> <211> <212> <213>	3143 11 DNA Homo	Sapiens	·			· •		
<400> taccgct	3143 tece t							11
<210> <211> <212> <213>	3144 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> caaagat	3144 ttat t							11
<210> <211> <212> <213>	3145 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> cagttt	3145 tttt c					•		11
<210> <211> <212> <213>	3146 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> ctaaag	3146 cctt c							11
<210> <211> <212> <213>	3147 11 DNA Homo	Sapiens						
<400> ttgcag	3147 tttc t						•	 11
<210> <211> <212> <213>	3148 11 DNA Homo	Sapiens						
<400>	3148	3		400/	407			

WU 2004/03	59001	PC1/EP2003/014068
tttccctatt g		11
<210> 3149 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3149 tcagtgtatt g		11
<210> 3150 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	•
<400> 3150 gtatttttaa a		11
<210> 3151 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3151 agcctgtgtt c		11,
<210> 3152 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3152 ctgttaccag a		11
<210> 3153 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3153 gcaaggcaag a		11
<210> 3154 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	
<400> 3154 atttacctgc t		11
<210> 3155 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	e e espe
<400> 3155 aaaattgtta g		11
<210> 3156 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	

WO 2004/0	59001		PCT/EP2	003/014068
<400> 3156 gtaaatatgg t				11
<210> 3157 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3157 tcacaaaaaa a			·	11
<210> 3158 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	· Sapiens			
<400> 3158 cagcagcttg t	· ·			11
<210> 3159 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3159 ggcccaggcc t				11
<210> 3160 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3160				11
<210> 3161 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·		,
<400> 3161 actgagtagg t				11
<210> 3162 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3162 agatcagttg a				11
<210> 3163 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			
<400> 3163 agaccctgtc t				11
<210> 3164 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens			

<212>

DNA

WO 2004/059001

PCT/EP2003/014068

<400> 3164 11 agaatggcgt g <210> 3165 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3165 11 agatttgggt a <210> 3166 <211> 11 <212> DNA. <213> Homo Sapiens <400> 3166 11 aggacctgaa g <210> 3167 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3167 agtagctggg a 11 <210> 3168 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3168 11 aacatttagg a <210> 3169 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3169 11 agactctgtc t <210> 3170 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3170 11 agctgtcgta g <210> 3171 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapiens <400> 3171 11 aatttggctt t 3172 <210> <211> 11

VV C 2004/03	32001		1 C 1/E1 2005/014000
<213> Homo	Sapiens		
<400> 3172 agcacccttg t			11
<210> 3173 <211> 11			
<212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3173 acaaaaaaaa g			11
<210> 3174 <211> 11 <212> DNA			
<213> Homo <400> 3174	Sapiens		
acgaaacctc g			11
<210> 3175 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3175 agctgagttt g			11
<210> 3176 <211> 11 <212> DNA		•	
<213> Homo	Sapiens	•	
<400> 3176 acgtatttga g		,	11
<210> 3177 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3177 acttctgctt a			11
<210> 3178 <211> 11 <212> DNA			
<pre><213> Homo <400> 3178 acatttgctt g</pre>	Sapiens	•	. 11
<210> 3179 <211> 11			
*	Sapiens		
<400> 3179 aattattgtt t			11
<210> 3180 <211> 11			

WO 2004/	J59001	PCT/EP2003/014068
<212> DNA		
	Sapiens	
<400> 3180		11
acacttctca a		11
<210> 3181	· · · · ·	a.
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
1210	Jap 19.10	
<400> 3181		11
agcattaáaa a		11
<210> 3182		
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
(ZIS) Home	· Supreme	
<400> 3182		11
actggctcag g	Ī	11
<210> 3183	r	
<211> 11		
<212> DNA <213> Homo	Sapiens	
1213	, Sup 19113	
<400> 3183		. 11
agggetttea d		. 11
<210> 3184		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	*
<400> 3184		11
agetgtgatg (
<210> 3185		
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
<400> 3185		11
agarraceca (•	
<210> 3186	5	
<211> 11 <212> DNA		
	Sapiens	
	-	
<400> 3180 agcccagctg		11
		· -
<210> 318		
<211> 11 <212> DNA		
	o Sapiens	
<400> 318		11
		<u>-</u>
<210> 318	В	

WO 2004/059001		PCT/EP2003/014	4068
<211> 11 <212> DNA <213> Homo	o Sapiens	· ·	
<400> 3188 aggacaatga a		11	
<210> 3189 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	3	
<400> 3189 aaaatacagt		11	
<210> 3190 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3190 aggatattgg a		. 11	
<210> 3191 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3191 agtaatgaaa a		11	٠
<210> 3192 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3192 actctggctc a		11	ı
<210> 3193 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		
<400> 3193 aaaaagggtt t		. 11	
<210> 3194 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens	·	
<400> 3194			
<210> 3195 <211> 11 <212> DNA <213> Homo	Sapiens		•
<4.00> 3195 aatgaggtgc t		11	

W O 2004/059001		PC 1/EP2003/014008
<210> 3196 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	, ,	
<213> HOMO Sapier		•
<400> 3196 agcttgagtt c		11
<210> 3197 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapier	ns	
<400> 3197 agccactctg c		11
<210> 3198 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ns	
<400> 3198 agacattgac a		11
<210> 3199 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ns	
<400> 3199 aactttccaa a		11
<210> 3200 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3200. aaaagctgtt t		11
<210> 3201 <211> 11 <212> DNA <213> Homo Sapie	ens	
<400> 3201 agaageteea g		11